

**PCT**WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup>:</b> C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:</b> WO 99/54461 <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 28. Oktober 1999 (28.10.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01174 <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 15. April 1999 (15.04.99) <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 69, D-14195 Berlin (DE). <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGeweBE <b>(57) Abstract</b> The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof. <b>(57) Zusammenfassung</b> Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

### LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

### Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine Krebstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 hybridisieren.

45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein



bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),  
10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den  
35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

- 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. ORF 561-575, 577-625, 630-635 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis

Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen
- 10 hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer
- 15 eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

**Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen**

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
10	Contig =	eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
	Singleton=	ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
15	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
20	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

**Erklärung zu den Alignmentparametern**

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
30	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

**Erklärung der Abbildungen**

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
45	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
50	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 136 gefunden, die 15,6 .x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefaessee	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.3166	0.0000	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0281	0.2774	3.6055
	Brust	0.0090	0.0188	0.4764	2.0992
	Duehndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852	2.0611
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0118	0.0123	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0092	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0090		0.0188		0.4764	2.0992
	Duennndarm	0.0153		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0050		1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0115		0.0117		0.9839	1.0163
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0066		0.0055		1.1966	0.8357
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0131		0.0213		0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0178					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0106					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
		Entwicklung 0.0000
		Gastrointestinal 0.0000
		Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
		Herz-Blutgefuesse 0.0000
		Lunge 0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
		Brust 0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
		Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0250



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
	Endokrines Gewebe	0.0187	0.0100	1.8679	0.5354
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917	1.6901
	Gehirn	0.0067	0.0205	0.3240	3.0866
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0102	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0407	0.0068	5.9478	0.1681
	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
	Uterus Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0319			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0393
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0476
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1114
	Endokrines Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0175
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0292
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0256	0.3051	3.2777
	Brust	0.0090	0.0113	0.7939	1.2595
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines Gewebe	0.0255	0.0050	5.0944	0.1963
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0194	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0083	0.0184	0.4516	2.2144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0096	0.0041	2.3399	0.4274
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0330	0.2542	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0056	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0121	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0070	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0040	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0077	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0201	0.0412	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
20	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiseröhre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0170	0.3839	2.6051
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefäesse	0.0071
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0244
65	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0026		3.0509	0.3278
	Brust	0.0026		0.0000		undef	0.0000
	Duennndarm	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0007		0.0041		0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0032		0.0137		0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0021		0.0020		1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
20	Niere	0.0000		0.0205		0.0000	undef
	Pankreas	0.0066		0.0055		1.1966	0.8357
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0072					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0083					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0031	3.8398	0.2604
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0377

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
65	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
50	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse Blutkörperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0680			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		<del>%Haeufigkeit</del>	<del>%Haeufigkeit</del>	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	<del>%Haeufigkeit</del>	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	<del>%Haeufigkeit</del>	
	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0232
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0162
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347		
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361		
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000		
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000		
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842		
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654		
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0026		1.5254	0.6555
	Brust	0.0013		0.0056		0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0078		0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0017		0.0050		0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0038		0.0046		0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0037		0.0041		0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0074		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0042		0.0041		1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027		0.0137		0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035					
	Zervix	0.0000					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkörperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefäß	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0479	0.1699	5.8845
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2639	0.0256	39.0528
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
65	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkörperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkörperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
65	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haefufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haefufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0184		0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030		0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096		0.0231	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000		0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000		0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027		0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000		0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064				
	Prostata-Hyperplasie	0.0089				
	Samenblase	0.0000				
30	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
	Zervix	0.0000				

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Häufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0118	0.0041	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz	0.0064	0.0275	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0187	0.0164	1.1431	0.8748
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
25	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854	11.7158
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0499
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0122
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0399
	Haut-Muskel	0.0454
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0301
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0102		0.0226	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0123		0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030		0.0078	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0136		0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0153		0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074		0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053		0.0379	0.1412	7.0845
15	Haut	0.0000		0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0143		0.0129	1.1029	0.9067
	Herz	0.0074		0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0173		0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0125		0.0164	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0154		0.0060	2.5700	0.3891
	Niere	0.0109		0.0137	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0083		0.0276	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150		0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0196		0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153		0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032				
	Prostata-Hyperplasie	0.0208				
35	Samenblase	0.0178				
	Sinnesorgane	0.0706				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251				
	Zervix	0.0106				

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0139	
	Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0118	
45	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0217	
50	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0185	
	Placenta	0.0303	
	Prostata	0.0000	
55	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0272	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0557	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
65	Foetal	0.0402	
	Gastrointestinal	0.0610	
	Haematopoetisch	0.0342	
	Haut-Muskel	0.0486	
70	Hoden	0.0309	
	Lunge	0.0328	
	Nerven	0.0100	
	Prostata	0.0274	
75	Sinnesorgane	0.0310	
	Uterus_n	0.0291	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
55		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL		TUMOR		Verhältnisse	
		%Häufigkeit		%Häufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	0.0010	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.0060	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.1583	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0030	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkörperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

35	FOETUS	
	%Häufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	0.0000	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.0000	0.0000	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	0.0000	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0000	0.0000	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
45	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
65	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
	Gehirn	0.0103	0.0113	0.9163	1.0913
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0145	0.0123	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0366
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0185	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
45	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duenn darm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0072	0.6171	1.6205
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0180	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0181
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0476
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0056	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0046	4.9700	0.2012
	Gehirn	0.0096	0.0082	1.1699	0.8547
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	uhdef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0081	0.0274	0.2974	3.3626
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0236
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0356
	Lunge	0.0289
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0628

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0137	1.7843	0.5604
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0128		0.6102	1.6389
	Brust	0.0038		0.0188		0.2042	4.8982
	Duenn darm	0.0153		0.0331		0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0120		0.0208		0.5756	1.7372
10	Endokrines Gewebe	0.0136		0.0125		1.0868	0.9201
	Gastrointestinal	0.0077		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0052		0.0041		1.2599	0.7937
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0000		0.0847		0.0000	undef
	Hepatisch	0.0095		0.0194		0.4902	2.0400
	Herz	0.0307		0.0275		1.1179	0.8945
	Hoden	0.0000		0.0351		0.0000	undef
20	Lunge	0.0042		0.0286		0.1452	6.8893
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0120		0.4283	2.3347
	Niere	0.0054		0.0137		0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0116		0.0110		1.0470	0.9551
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0044		0.0106		0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.1583		0.0854	11.7158
30	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0204		0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102		0.1908		0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
35	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130					
	Zervix	0.0000					

40	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0194
45	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
50	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
55	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0748
	Sinnesorgane	0.0126

60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
65	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0122
70	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0421
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
75	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0019	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.1055	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
45	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		<del>%Haeufigkeit</del>	<del>%Haeufigkeit</del>	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346	0.2542
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	<del>%Haeufigkeit</del>	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	<del>%Haeufigkeit</del>	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
55	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0059	0.0051	1.1519	0.8681
	Haematopoetisch	0.0187	0.0379	0.4940	2.0241
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
25	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
50	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000	undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblasen	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0150	0.5104	1.9593
	Duendarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0208	0.4317	2.3163
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0231	1.1597	0.8623
	Gehirn	0.0081	0.0123	0.6600	1.5152
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0554	0.5512	1.8143
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0136
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0253
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0122
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0131
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0204		0.1907	5.2444
	Brust	0.0128		0.0075		1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0123		0.0165		0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0030		0.0078		0.3838	2.6058
10	Endokrines Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0038		0.0139		0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0007		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Lunge	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0077		1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0054		0.0000		undef	0.0000
25	Pankreas	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0044		0.0149		0.2925	3.4192
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.1055		0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
35	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
40	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefasse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0068	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines Gewebe	0.0000	
60	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
65	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung
	Gastrointestinal
	Gehirn
40	Haematopoetisch
	Haut
	Hepatisch
	Herz-Blutgefasse
	Lunge
45	Nebenniere
	Niere
	Placenta
	Prostata
50	Sinnesorgane

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust
55	Eierstock_n
	Eierstock_t
	Endokrines_Gewebe
	Foetal
	Gastrointestinal
60	Haematopoetisch
	Haut-Muskel
	Hoden
	Lunge
	Nerven
65	Prostata
	Sinnesorgane
	Uterus_n

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0165	0.0000	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0075	0.0075	0.0000	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	0.0010	0.0000	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0065	0.0000	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.0020	0.0000	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.1055	0.0000	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.0136	0.0000	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Samenblase	0.0089	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0000		undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Häufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Häufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Häufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0036
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
70	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit		%Haefufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0022		0.0021		1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0041		0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5711	1.7510
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1583		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haefufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haefufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0051					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0050					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0125					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseröhre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0042



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0164	0.1905	5.2490
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefasse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0356			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083	2.4491
	Duehndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0128	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.1055	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
40	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
50	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
55	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
65	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
70	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
75	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
80	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
85	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haefufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haefufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0230	1.0170	0.9833		
	Brust	0.0269	0.0207	1.2992	0.7697		
	Duennndarm	0.0061	0.0662	0.0927	10.7893		
	Eierstock	0.0150	0.0572	0.2616	3.8219		
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778		
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0463	0.2899	3.4492		
	Gehirn	0.0015	0.0092	0.1600	6.2504		
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200		
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326		
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367		
	Magen-Speiseroehre	0.0966	0.0077	12.6053	0.0793		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef		
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610		
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143		
	Penis	0.0329	0.1600	0.2059	4.8565		
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0532					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0417					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0249					
50	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0146					
	Gastrointestinal	0.0366					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0573					
	Nerven	0.0040					
65	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit	%Haefufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speisergehere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haefufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haefufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0060
65	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0387
	Uterus_n	0.0250

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
45	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
50	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
55	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
60	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
65	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
65	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
70	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
75	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
80	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
85	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
90	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0486	0.6423	1.5569
	Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
	Endokrines Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
	Gehirn	0.0532	0.0575	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
15	Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
	Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
	Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
	Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
20	Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
	Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
	Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
	Zervix	0.0319			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0313
40	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0783
	Lunge	0.0217
45	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0727
	Prostata	0.0997
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0244
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0141
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointesten tinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgef aesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 130

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Harnblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haefufigkeit		%Haefufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0128		0.6102	1.6389
	Brust	0.0115		0.0169		0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000		0.0165		0.0000	undef
	Eierstock	0.0060		0.0260		0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0153		0.0176		0.8733	1.1451
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0046		0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074		0.0092		0.8000	1.2501
	Haematopoetisch	0.0080		0.0758		0.1059	9.4460
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095		0.0065		1.4706	0.6800
15	Herz	0.0201		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0234		0.2460	4.0652
	Lunge	0.0114		0.0164		0.6985	1.4315
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0077		2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0120		0.4283	2.3347
20	Niere	0.0136		0.0137		0.9913	1.0088
	Pankreas	0.0066		0.0110		0.5983	1.6714
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0065		0.0128		0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.1055		0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
	Zervix	0.0000					

35	FOETUS	
	%Haefufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
50		

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haefufigkeit	
	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
65	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 132

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0176	0.5822	1.7176
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
20	Lunge	0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
	Niere	0.0244	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0149	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.2111	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0305
40	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
45	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0309
50	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0122
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 134

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0383	0.7119	1.4047
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
	Duennndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0312	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0201	1.4434	0.6928
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0298	0.4469	2.2378
	Haematopoetisch	0.0281	0.0379	0.7411	1.3494
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
	Hepatisch	0.0381	0.0259	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0191	0.1512	0.1262	7.9265
	Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiseröhre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0668	0.0420	1.5909	0.6286
20	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0066	0.0331	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.1600	0.0936	10.6842
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0204	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1240			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefäesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0383	1.0170	0.9833
	Brust	0.0102	0.0301	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0351	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0148	0.0226	0.6545	1.5279
	Haematopoetisch	0.0227	0.2273	0.1000	10.0016
	Haut	0.0367	0.1695	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0445	0.0687	0.6476	1.5441
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0291	0.0470	0.6185	1.6169
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0153	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0840	0.8159	1.2257
20	Niere	0.0244	0.0685	0.3569	2.8022
	Pankreas	0.0116	0.0607	0.1904	5.2530
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.6332	0.0213	46.8633
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0867			
	Zervix	0.0639			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0236
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
65	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0464
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0114	0.0041	2.7942	0.3579
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0030	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0056	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Haematopoetisch	0.0079	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz-Blutgefuesse	0.0142	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0108	0.0000	undef	undef
45	Nebenniere	0.0254	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Placenta	0.0061	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0126	0.0000	undef	undef
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068	0.0000	undef	undef
55	Eierstock_n	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Foetal	0.0076	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Haematopoetisch	0.0171	0.0000	undef	undef
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0164	0.0000	undef	undef
	Nerven	0.0060	0.0000	undef	undef
65	Prostata	0.0068	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_n	0.0125	0.0000	undef	undef

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 138

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156		0.0051		3.0509	0.3278
	Brust	0.0000		0.0038		0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0331		0.0000	undef
	Eierstock	0.0000		0.0052		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0050		1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0077		0.0139		0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0059		0.0062		0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0040		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0048		0.0065		0.7353	1.3600
15	Herz	0.0085		0.0275		0.3084	3.2426
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0062		0.0143		0.4355	2.2964
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0033		0.0276		0.1197	8.3571
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0064		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.1055		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152		0.0068		2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087					
	Zervix	0.0000					
		FOETUS					
35		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0118					
40	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0107					
	Lunge	0.0108					
	Nebenniere	0.0000					
45	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0242					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
55		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0272					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0253					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
60	Foetal	0.0151					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0356					
	Hoden	0.0000					
65	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0090					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0042					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
25	Uterus Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 140

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
50	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
60	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0116
	Gastrointestinal	0.0122
65	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 141

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## 2.2 Fisher-Test

5 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

10 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

### Beispiel 3

#### 20 Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23  
30 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

35 Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese  
40 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (i. H<sub>0</sub> Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

50 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10

#### Beispiel 4

##### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

15 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

40

Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (<http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html>)

5 TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	unbekannt		1046	2p24-2p21	D2S174-D2S390
2	erhöht	Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene Polymerase protein	2x "CSD"	373		
3	erhöht	Homolog zu Human protein kinase C-binding protein RACK17		1571	1q32.1	D1S477-D1S504
4	erhöht	Homolog zu Human mRNA for KIAA0079		1789	10q21.3-q22.2	D10S537-D10S218
5	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T23B12	"BTB"	2361		
6	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid C01A2		1638	20q13.32-q13.33	D20S100-D20S173
7	erhöht	unbekannt		1034	12q12	D12S1589-D12S85
8	erhöht	unbekannt		947	17p11.2-p12	AFMa126yd5
9	erhöht	unbekannt		497		
10	erhöht	unbekannt		269		
11	erhöht	unbekannt		1717		
12	erhöht	unbekannt	"zf-C3HC4"	1419		
13	erhöht	unbekannt		671	2q37.3	D2S2704
14	erhöht	unbekannt		524		
15	erhöht	unbekannt		345		
16	erhöht	rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13		1060	7q33-7q36.1	WI-9353
17	erhöht	Rattus norvegicus neuritin		1721	6p23-p25.1	D6S1617-D6S1674
18	erhöht	Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase	"isodh"	2367	2q34	WI-1247
19	erhöht	Rat unr mRNA for unr protein with unknown function	2x "CSD"	1321	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
20	erhöht	Rat prostatic binding protein polypeptide c1		384		
21	erhöht	Rat GTP-binding protein (ral B)		367		
22	erhöht	R.norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit		2621	3q24-q25.2	D3S1570
23	erhöht	P.sativum mRNA for Cop1 protein	2x "G-beta"	2019	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
24	erhöht	P.falciparum pfmdr1 gene		1866	18q12.1-q12.3	AFM164ya9
25	erhöht	ORF 5' of ECLF2...ECRF3=G protein-coupled receptor homolog		1189		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
26	erhöht	O. cuniculus lambda-crystallin mRNA	"3HCDH"	1418		
27	erhöht	Mus musculus flotillin		814		
28	erhöht	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase		3039	10q25.1-q25.2	D10S1465
29	erhöht	Mouse clathrin-associated protein (AP47)	"Adap_comp_sub"	1448		
30	erhöht	Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylcrotonyl-CoA carboxylase	"CPSase_L_chain", "biotin_req_enzy"	1394		
31	erhöht	Leucine aminopeptidase, bovine	"Peptidase_M17"	734		
32	erhöht	Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead)	2x "DEAD"	692		
33	erhöht	Human mammaglobin Homolog	"Uteroglobin"	517		
34	erhöht	Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X		322		
35	erhöht	Human DNA sequence from clone 230G1		1559		
36	erhöht	Human DNA sequence from clone 217C2		1072		
37	erhöht	Human Cosmid Clone 26a1	"RhoGAP"	454	22.q11.21-q11.23	D22S420-D22S446
38	erhöht	Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence		700	3p21.1	
39	erhöht	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid t21246		914		
40	erhöht	H. sapiens mRNA for Ptg-1 protein		1669	17q21.31-q21.33	D17S791-D17S797
41	erhöht	H. sapiens CpG island DNA genomic Mse1 fragment		355		
42	erhöht	H. sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line		2628	3q24	D3S3413
43	erhöht	Genomic sequence from Human 9q34		2535	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
44	erhöht	Drosophila melanogaster misato gene	"MYB_3"	805	1q21.2	D1S305-D1S506
45	erhöht	Chicken mRNA for vitellogenin I		1279		
46	erhöht	Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4		1923		
47	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		706		
48	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863		749		
49	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid ZK596		857	10q26.13	D10S212
50	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T26A5		268		
51	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid T21G5		297		
52	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F56D5		590		
53	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F25D7		1714		
54	erhöht	Caenorhabditis elegans cosmid F08C6		1340		
55	erhöht	C. botulinum bont (partial) and nth genes		765	3q24-q23	D3S3409



Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
56	erhöht	Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3)	"complex1_4 9Kd"	1647		
57	erhöht	Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32)		1166		
58	erhöht	A. thaliana mRNA for RNA helicase		487		
59	erhöht	A. thaliana glycine-rich protein (clone atGRP-4)		1630	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
60	erhöht	Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19)	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1272	6q21	AFMa191wd
61	erhöht	Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328	2x "DEAD"; "helicase_C"	1914	7p12.3-p13	D7S667-D7S2427
62	erhöht	S. pombe chromosome I cosmid c13D6		608		
63		Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain		2674	17q21.31-q22	D17S797-D17S788
64		Rattus norvegicus matrixysin (MMP-7) mRNA	2x "PDZ"	326	1q12	D1S2669-D1S498
65		Rattus norvegicus Diphor-1		888		
66		Human herpesvirus-7 (HHV7) J1, G protein-coupled receptor (GCR)		202		
67		Homolog zu Human synapsin I (SYN1)		1225	1p22.3-p31.1	WI-3099
68		Homolog zu Human PAX3 gene		1093		
69		Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXT2)		309	1p21.3-p22.1	D1S2166
70		Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4)		380		
71		Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor		1253		
72		Homolog zu H. sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase		439		
73		Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B		1252	4p11-q12	D4S1619-D4S1600
74		Caenorhabditis elegans cosmid T21D12	"WW_DO-MAIN 2"	695		
75		Caenorhabditis elegans cosmid R107		2514	13q33.3-q34	D13S261-D13S293
76		Caenorhabditis elegans cosmid M04C9		274		
77		Bovine opsin	"7m 4"	449		
78		unbekannt		346		
79		unbekannt		1329		
80		unbekannt		805		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
81		unbekannt		420		
82		unbekannt		2143	9q21.32-q22.1	D9S264-D9S267
83		unbekannt		450		
84		unbekannt		408	17q23.1-q23.2	D17S1680
85		unbekannt		311		
86		unbekannt		487		
87		unbekannt		1902	11p12-p13	WI-6150
88		unbekannt		1048	1q42.11-q43	WI-9317
89		unbekannt		804		
90		unbekannt		581		
91		unbekannt		2042		
92		unbekannt		430		
93		unbekannt		592		
94		unbekannt		674		
95		unbekannt		324		
96		unbekannt		709	5p15.33	D5S1954
97		unbekannt		562		
98		unbekannt		1948	16p13.2-p12.3	D16S499
99		unbekannt		483		
100		unbekannt		437		
101		unbekannt		359		
102		unbekannt		501		
103		unbekannt		1102	1q23.1-q23.2	D1S445-D1S431
104		unbekannt		306		
105		unbekannt		2042		
106		unbekannt		320		
107		unbekannt		506		
108		unbekannt		1276		
109		unbekannt		373		
110		unbekannt	TPR_RE- PEAT	492		
111		unbekannt		1678	6q21	D6S278-D6S302
112		unbekannt		866	9q22.1-q22.2	D9S1841-D9S196
113		unbekannt		1434	18q12.1-q12.3	D18S1124-D18S488
114		unbekannt		914	7q32.3	D7S686-D7S530
115		unbekannt		685	8p12-p11.23	D8S1821-D8S255

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
116		unbekannt		2646		
117		unbekannt		2667		
118		unbekannt		544		
119		unbekannt		1340	18p11.21	D18S471-D18S464
120		unbekannt		2376		
121		unbekannt		225		
122		unbekannt		1967	6q22.33-q23.1	D6S292-D6S1699
123		unbekannt		612		
124		unbekannt		1183	2q32.3-q34	D2S315-D2S2237
125		unbekannt		891	4q28.1-q31.1	
126		unbekannt		482		
127		Human triosephosphate isomerase mRNA		610		
128		Human ras inhibitor mRNA		2072	9q33.3-q34.11	
129		Human R kappa B		980		
130		Human putative interferon-related protein (SM15)		792		
131		Human protein trafficking protein (S31iii125)	2x "EMP24 - GP25L"	1092	14q32.2-14q32.33	WI-9179
132		Human protein kinase C-binding protein RACK7		1523	20q13.13-q13.2	D20S957
133		Human gene for histone H1(0)	"linker - histone"	2241	22q13.1	
134		Human cathepsin B proteinase	"Cys - protease"	631		
135		Homo sapiens cathepsin B mRNA	"Cys - protease"	980		
136		unbekannt		2238	14q24.1-14q24.3	D14S277
137		H.sapiens XG mRNA		398		
138		H.sapiens mRNA for RAB7 protein	ras	1084	7q21.3-q22.1	D7S652
139		H.sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase		1259		
140		H.sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase		1938	1q22-q23.1	
141		H.sapiens IL-13Ra		1874	Xq23	
531		Verlängerung von Seq. ID No. 19	2x "CSD"	1708	1p13.3-1q11	D1S418-D1S252
532		Verlängerung von Seq. ID No. 23	2x "G-beta"	2128	1q23.3-q24.3	D1S242-D1S416
533		Verlängerung von Seq. ID No. 25		2640		
534		Verlängerung von Seq. ID No. 32	2x "DEAD"	1245		
535		Verlängerung von Seq. ID No. 34		822		

Sequenz ID No.:	Expression im Endometrium-Tumor:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
536		Verlängerung von Seq. ID No. 43		2703	9q34.11-q34.13	D9S179-D9S164
537		Verlängerung von Seq. ID No. 44	"MYB_3"	2664	1q21.2	D1S305-D1S506
538		Verlängerung von Seq. ID No. 52		3888		
539		Verlängerung von Seq. ID No. 54		3304		
540		Verlängerung von Seq. ID No. 55		863	3q24-q23	D3S3409
541		Verlängerung von Seq. ID No. 59		1962	5q23.3-q31.1	D5S396-D5S2119
542		Verlängerung von Seq. ID No. 60	2x "PX"; "BEM_DOM AIN"	1772	6q21	-AFMa191wd1
543		Verlängerung von Seq. ID No. 65	2x "PDZ"	1009	1q12	D1S2669-D1S498
544		Verlängerung von Seq. ID No. 69		2834	1p21.3-p22.1	D1S2166
545		Verlängerung von Seq. ID No. 82		2319	9q21.32-q22.1	D8S264-D9S257
546		Verlängerung von Seq. ID No. 84		2456	17q23.1-q23.2	D17S1680
547		Verlängerung von Seq. ID No. 87		2218	11p12-p13	WI-6150
548		Verlängerung von Seq. ID No. 88		2196	1q42.11-q43	WI-9317
549		Verlängerung von Seq. ID No. 93		701		
550		Verlängerung von Seq. ID No. 98		2214	16p13.2-p12.3	D16S499
551		Verlängerung von Seq. ID No. 108		1434		
552		Verlängerung von Seq. ID No. 111		2434	6q21	D6S278-D6S302
554		Verlängerung von Seq. ID No. 114		1457	7q32.3	D7S686-D7S530
555		Verlängerung von Seq. ID No. 126		741		

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
1	142
	143
	144
2	145
	146
	147
3	148
	149
	150
4	151
	152
	153
5	154
	155
	156
6	157
	158
	159
7	160
	161
	162
8	163
	164
	165
9	166
	167
	168
10	169
	170
	171
11	172
	173
	174
12	175

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
12	176
	177
13	178
	179
	180
14	181
	182
	183
15	184
	185
	186
	187
16	188
	189
	190
17	191
	192
	193
18	194
	195
	196
19	197
	198
	199
20	200
	201
	202
21	203
	204
22	205
	206
	207
23	208
	209
	210
24	211

DNA-Sequenzen	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq.
Seq. ID. No.	ID. No.
24	212
	213
25	214
	215
	216
26	217
	218
	219
27	220
	221
	222
28	223
	224
	225
29	226
	227
	228
30	229
	230
	231
31	232
	233
	234
32	235
	236
	237
33	238
	239
	240
34	241
	242
	243
35	244
	245
	246

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	247
36	248
	249
37	250
	251
	252
38	253
	254
	255
39	256
	257
	258
40	259
	260
	261
41	262
	263
	264
42	265
	266
	267
43	268
	269
	270
44	271
	272
	273
45	274
	275
	276
46	277
	278
	279
47	280
	281
	282



DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	283
48	284
	285
49	286
	287
	288
50	289
	290
	291
	292
51	293
	294
	295
52	296
	297
	298
53	299
	300
	301
54	302
	303
	304
55	305
	306
	307
56	308
	309
	310
57	311
	312
	313
58	314
	315
	316
59	317
	318

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	319
60	320
	321
	322
61	323
	324
	325
62	326
	327
	328
63	329
	330
	331
64	332
	333
	334
	335
65	336
	337
	338
66	339
	340
	341
67	342
	343
	344
68	345
	346
	347
69	348
	349
	350
70	351
	352
	353
71	354

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	355
	356
72	357
	358
	359
	360
73	361
	362
	363
74	364
	365
	366
75	367
	368
	369
76	370
	371
	372
77	373
	374
	375
78	376
	377
	378
79	379
	380
	380
	381
80	382
	383
	384
81	385
	386
	387
82	388
	389

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	390
83	391
	392
	393
84	394
	395
85	396
	397
	398
86	399
	400
	401
	402
87	403
	404
	405
	406
88	407
	408
	409
89	410
	411
	412
90	413
	414
	415
91	416
	417
	418
92	419
	420
	421
	422
93	423
	424
	425

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	426
94	427
	428
95	429
	430
	431
	432
96	433
	434
	435
97	436
	437
	438
98	439
	440
	441
99	442
	443
	444
100	445
	446
	447
101	448
	449
	450
102	451
	452
	453
103	454
	455
	456
104	457
	458
	459
	460
105	461

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	462
	463
106	464
	465
107	466
	467
	468
	469
108	470
	471
	472
109	473
	474
	475
110	476
	477
	478
111	479
	480
	481
112	482
	483
	484
	485
113	486
	487
	488
114	489
	490
	491
115	492
	493
	494
	495
116	496
	497

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	498
117	499
	500
	501
118	502
	503
	504
119	505
	506
	507
120	508
	509
	510
121	511
	512
	513
122	514
	515
	516
123	517
	518
	519
124	520
	521
	522
125	523
	524
	525
126	526
	527
	528
531	561
	562
	563
532	564
	565

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	566
533	567
	568
	569
534	570
	571
	572
535	573
	574
	575
536	577
	578
537	579
	580
	581
538	582
	583
	584
539	585
	586
	587
540	588
	589
	590
541	591
	592
	593
542	594
	595
	596
543	597
	598
	599
544	600
	601
	602



DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
545	603
	604
	605
546	606
	607
	608
547	609
	610
	611
548	612
	613
	614
549	615
	616
	617
550	618
	619
	620
551	621
	622
	623
552	624
	625
554	630
	631
	632
555	633
	634
	635

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 142-528 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

## Sequenzprotokoll

### (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

#### (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

#### (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe

#### (iii) Anzahl der Sequenzen: 622

#### (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO.:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1046 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

#### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

#### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

#### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

#### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

#### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5  tcggaacgag ggatcactaa tcaacaaacc agctttcggg gtctgacgcg atccttgcc 60
   caggcctctc gaggtccaga cagccgccc accccctctg cgacgcagca gtgaatagt 120
   tggtagctcc ttgtctcggg tcagggtccag acctccccgt ctcccggtg ccctgaacgt 180
   caggcgacct caggacctg tgattggcgc ctgcgcggc ggaccgtgac cgaggaaacc 240
   cctggaggga cttgggcatt ccttgggctc cgtgcctgtt cttcgtgctc ctttcggggc 300
   aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataatgttt 360
10 gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgcaaa atactgggga gagatacaa 420
   tatcatcaag ccagaccaac agaagttcct tcgatttgct cccacgggag ttccgtctgg 480
   tggaaagtcca tgaccacccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag cccccacta 540
   tgcctggacat cccctcagag ccatgtagtc tbacccatcca tacgattcag ttgattcagc 600
   acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagctcaggc ccagaatcag cagcagacag 660
15 aaggtgtaaa aactgaagag agtgaacctc ttcctcgtg ccctgggtca cctcctctcc 720
   ctgatgacct cctgccttta gattgtaaga atcccaatgc accattccag atccggcaca 780
   gtgaccacga gagtgacttt tatcgtggga aaggggaacc tgtgactgaa ctcagctggc 840
   actcctgtcg gcagctcctc taccaaggca gtggcacaaa tcctggccaa cggcgggctt 900
   ttgactgtgc taatgagagt gtcctggaag accctaactt gatgttgga catgagtatt 960
20 ggccttaag tttaccaaag tttgctcgt ttttgcgtt gagcggaag cccgggtggg 1020
   agagacttcc ttttgccgaa tgtgat 1046

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 373 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

   cgaaggcaga gttcaacagg gatcttttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60
   tattgaattt atccatcagt taaccaggc aattaagagc acacatggaa catcgaccat 120
   tccacgggta tctcgtataa cctcaaggga caagccatag tggaacgttg cccattccac 180
50 gcttaaaaaat atgctttaaa aaaaggggga atatgaataa ggaccctaca acactactag 240
   cacaagtgtt attcaccctt aatttcttaa atttagataa tttaaatttc aatcagccct 300
   agaaaagcac ttttgcttaa aacctccca ggtagcaagg ctttcagtgt tttgggaagg 360
   tgttaatagt atc 373

```

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

```
25 ctgctctggc aaccaataga agctaggaga gggcggggac aactgggtct tttgcggctg 60
cagcgggctt gtaggtgtcc ggctttgctg gccagcaag cctgataagc atgaagctct 120
tatctttggt ggctgtggtc ggggtgttgc tggcgcccc agctgaagcc aacaagagtt 180
ctgaagatat ccggtgcaaa tgcactgtgc caccttatag aaacatcagt gggcacattt 240
acaaccagaa tgtatccag aaggactgca actgcctgca cgtggtggag cccatgccag 300
tgccctggcca tgacgtggag gcctactgcc tgctgtgcca gtgcaggtag gaggagcgca 360
30 gaccaccacc atcaaggtca tcattgtcat ctacctgtcc gtggtgggtg ccctgttgct 420
ctacatggcc ttctgatgc tgggtgaccc tctgatccga aagccggatg catacactga 480
gcaactgcac aatgaggagg agaattgagga tgctcgctct atggcagcag ctgctgcac 540
cctcggggga ccccgagcaa acacagtcct ggagcgtgtg gaaggtgccc agcagcgggtg 600
gaagctgcag gtgcaggagc agcgggaagc agtcttcgat cggcacaaga tgctcagcta 660
35 gatgggctgg tgtggttggg tcaaggcccc aacaccatgg ctgccagctt ccaggctgga 720
caaacgaggg ggctacttct cccttccctc ggttccagtc ttccctttaa aagcctgtgg 780
catttttctt ccttctccct aactttagaa atgtgtact tggctatttt gattagggaa 840
gagggatgtg gtctctgac tccgttgtct tcttgggtct ttggggttga agggaggggg 900
aaggcaggcc agaagggaat ggagacattc gaggcggcct caggagtgga tgcgatctgt 960
40 ctctcctggc tccactcttg ccgccttcca gctctgagtc ttgggaatgt tgttaccctt1020
ggaagataaa gctgggtctt caggaactca gtgtctggga ggaaagcatg gccagcatt1080
cagcatgtgt tcctttctgc agtggttctt tatcaccacc tccctcccag ccccagcgcc1140
tcagccccag cccagctcc agccctgagg acagctctga tgggagagct gggccccctg1200
agcccaactg gtcttcaggg tgcactggaa gctggtgttc gctgtcccct gtgacttct1260
45 cgcactgggg catggagtgc ccatgcatac tctgctgccg gtcccctcac ctgcacttga1320
ggggtctggg cagtccctcc tctcccaggt gtccacagtc actgagccag acggtcgggt1380
ggaacatgag actcgaggct gagcgtggat ctgaacacca cagcccctgt acttgggttga1440
cctcttgctc ctgaacttcg ttgtaccagt gcatggagag aaaattttgt cctcttgct1500
tagagtgtg tgtaaatcaa ggaagccatc attaaattgt tttatttctc tccaaaaaaa1560
50 aaaaaaaaaa a 1571
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1789 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

```

20 agaccatgct ggaaaaaatt ccaaaggaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60
   gttttatcac atataacaaa gttctccatt tctttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120
   ctccagatgat gggggtgact gatgttgagg aagtctttgt tcctttgttg gatggtttcc 180
   ttgtcaacta tcaagaatcc caatctgtga ttcataattt gttggaccag attccagaca 240
   tgtttgcaga ctctaataaa aatgagactg tctttgctcc tgtcatccag gctggcatgg 300
25 aagcactaaa ggcagcagac tgcctggga agctgttcat cttccattct tccttgccaa 360
   ctgctgaagc accagggagc ctcaaaaaca gagatgacaa aaaactgggt aatacagaca 420
   aagagaagat actttccag ccccaacaaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgcg 480
   tggtcacccg gctgctctgt gacactcttc ctcttcccta gtcagtatgt ggacgtggcc 540
   tcgctggggc tggttcctca gctcactgga ggaacccttt acaaatacaa caatttccag 600
30 atgcaacttg atagacaaca atttttgaac gacctcagaa atgatattga aaagaaaata 660
   ggctttgatg ctattatgag gggttcgtacc agcacagggt tcagagccac tgatttcttt 720
   ggtggaatct tgatgaacaa caccaccgat gtagaaatgg ctgccatcga ttgtgacaag 780
   gcagtgaacc tggagttcaa gcacgatgac aaactcagtg aagacagtgg agccttaatc 840
   cagtgtgctg tgctttacac gacaatcagt ggtcaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900
35 ggcttaaaact gcagctctca gctagctgat ctttataaga gctgtgagac agatgctctt 960
   atcaacttct ttgccaagtc agcttttaaa gcagttctcc accagccttt gaaggctcatc1020
   cgggaaattc tagttaatca gactgcccat atgttggcat gttaccgaa gaattgtgca1080
   agtccttctg cagcaagcca gcttattcta ccagattcca tgaaagtatt gccagtgtac1140
   atgaattgct tgttgaaaaa ctgtgtacta ctccagcagc cagagatctc aactgatgaa1200
40 cgagcatacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gcttttcttc1260
   taccacaac ttctgcccac acacacgta gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgcc1320
   gttcgttgct ctgagtcctg tctttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatggctca1380
   cacatgttcc tgtggttggg agtaagcagc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaata1440
   gtgccatctt ttgcacatat caacacagat atgacattgc tgctgaagt gggaaaccca1500
45 tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg1560
   aagctcacia ttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg ttttccgaca gttcctggta1620
   gaagacaaaag gactttacgg aggtcttctc tatgtggatt tcctttgttg tggtcacaag1680
   gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccggg caatggaggt tgcgttgcca1740
   gggggggaaa agcccctttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel

## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```
5
1
20
25
30
35
40
45
50
55
gggccagccg gctcgcccgg gggccatggc agcagcggct actgcagccg aggggggtccc 60
cagtcggggg cctcccgggg aagtcaccca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagtac 120
ctctcgccag actctcacct ggatcccaga ctcttcttc tccagtcttc tgagcggacg 180
catctcgacg ctgaaagatg agaccggagc aatcttcacg gacagggacc ctacagtctt 240
cgcccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagttggat cccaggggtg tccacgggtc 300
cagcctcttc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctggttcgtc gctgcagct 360
tcgagaggag ttggatcgat cttctgtgg aaacgtcttc ttcaatggtt acctgccgcc 420
accagtgttc ccagtgaagc ggcggaaccg gcacagccta gtggggcctc agcagctagg 480
aggacggcca gccctgtcc gacggagcaa cacgatgcc cccaacctg gcaatgcagg 540
gctgctgggc cgaatgctgg atgagaaaac ccctccctca ccctcaggac aacctgagga 600
gccggggatg gtgcgcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgctgtgg atcataccca 660
gtttctagtc tgctacaggt tgaaggaaag ctctggcggg cagctggtgt tttccagccc 720
ccgcctggac tggcccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tgggtggggt 780
ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gcgagatcct gctatgggct 840
ctgcaggcgg aaggcgggtg ctccgagata ggggtcttcc atctgggggt gcctgtggag 900
gccttgttct tcgtcgggaa ccagctcatt gctacaagcc acacagggcg catcgggggt 960
tggaatgccg tcaccaagca ctggcaggtc caggaggtgc agccatcac cagttatgac1020
gcggcaggct ccttctcct cctgggctgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg1080
cagaagtctc ccttgcgcat gaaagacaac gacctccttg tcagcgagct ctatcgggac1140
ccagcggagg atggggtcac cgccctcagt gtctacctca cccccaagac cagtgcagct1200
gggaactgga tcgagatgcg ctatggcacc agctcagggg gcgtgcgggt catcgtgcag1260
caccgggaga ctgtgggctc ggggcctcag ctcttcacga ccttactgtg gcaccgcagc1320
cctgtcacca agatcatgct gtcggagaag cacctcatct cagtcgtgtc cgacaacaac1380
cagctgcgga catggtctgt gactcgcttc cgcggcatga tttccacca gcccggtcc1440
acccactcgt cttcctttaa gatcctggct ctggagtcgg cagatgggca tggcggtcgc1500
agtgtggca atgacattgg cccctacggg gaggcgggacg accagcaagt gttcatccag1560
aaggtggtgc ccagtgccag ccagctcttc gtgcgtctct catctactgg gcagcgggtg1620
tgctccgtgc gctccgtgga cggctcacc acgacagcct tcacagtgtc ggagtgcag1680
ggctcccggc ggctcggctc tcggccccgg cgctacctgc tcaactggcca ggccaacggc1740
agcttgacca tgtgggacct aaccaccgcc atggacggcc tcggccaggc ccctgcaggt1800
ggcctgacgg agcaagagct gatggaacag ctggaacact gtgagctggc ccccgcggtc1860
ccttcagctc cctcatgggg ctgtctcccc agcccctcac cccgcatctc cctcaccagc1920
ctccactcag cctccagcaa cacctccttg tctggccacc gtgggagccc aagccccccg1980
caggctgagg cccggcgccg tgggtggggc agctttgtgg aacgctgcca ggaactggtg2040
cggagtgggc cagacctccg acggccaccc acaccagccc cgtggccctc cagcgggtctc2100
ggcactcccc tcacacctcc caagatgaag ctcaatgaaa cttccttttg aacaacgcag2160
ctgccatgat gccttgggat gccctgggtc tgggggactc aggtgcctcc ctgattcctg2220
tgggaacccc gggttcaggg ccagggcctc cttggaataa atggttattg ttactaggtc2280
cccaccttcc ctcttttctg gaagccaaag tcacctccc caataaagtc ctcactgcca2340
aaaaaaaaa aaaaaaaacc g 2361
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 5 (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

25  
 ggctgcggtat ttgcgcggaa atcccggaag tgacagcttt gggggtttgc tgctggctct 60  
 gactcccgctc ctgcgatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactgggtg 120  
 aagggggccga agaaggttga gaaggtcgac aaagatgctg aattagtggc ccaatgggaa 180  
 tattgtactc taagtcagga aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240  
 30 ctttataaca aagatgccgt cattgaattt ctcttgga aatctgcaga aaaggctctt 300  
 gggaaggcag catctcacat taaaagcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360  
 aatcctgcct gggaaggga taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacctccag 420  
 cgggcgcggt tcatctgccc cgttgtgggc ctggagatga acggccgaca caggttctgc 480  
 ttcttctcgt gctgcggctg tgtgttttct gagcgagcct tgaaagagat aaaagcggaa 540  
 35 gtttgccaca cgtgtggggc tgccttccag gaggatgatg tcatcgtgct caatggcacc 600  
 aaggaggatg tggacgtgct gaagacaagg atggaggaga gaaggctgag agcgaattgg 660  
 aaaagaaaac aaagaaaccc aaggcagcag agtctgtttc aaaaccagat gtcagtgaag 720  
 aagccccagg gccatcaaaa gttaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780  
 gagagaagaa aaccaacttg gctcccaaaa gcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840  
 40 aagctgggaa gcctccgtgt ggagccacaa agaggtccat cgctgacagt gaagaatcgg 900  
 aggctacaa gtccctcttt accactcaca gctccgccaa gcgctccaag gaggagctcg 960  
 cccactgggt caccacacg tctactgct tctgaagccc gcactgccac cgctcctgcc 1020  
 ccagaaggtt gtttagtttc cacgtaggca ggtcgctttg tgcctctgag tgcgctgctg 1080  
 tgtgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtcctgg ccagccttca agctgggtg 1140  
 45 gccactcttg atgtgaggcg tgcgggttcc aggggggaca tgggaggggc tgcacagtgg 1200  
 ccgaggta tgcctgtctc cactgcagg tgcatttggc cctttccatg gccagggaagc 1260  
 cctgtgggt gcacttttta tgcttgcatg aacaagagac tccagagtcc taccgggtgc 1320  
 agagttggca catattaatt aactaaaatt ctaatgatct tgctaccagc aataaatcaal 1380  
 gtaggccaag tgaaactggg ctttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgccactag 1440  
 50 aagcttcgaa gggcctcgct cctctgttac agccctggga ggagccagga tcctgttgg 1500  
 tctagctaaa tactgttagg ggagtgtgcc ccatctcatc atttcaaga tagcagagtc 1560  
 atagtgggc acccgggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaa 1620  
 aaaaaaaaa aaaaaaaa 1638

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1034 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

25 cgctgcgcg ctgagtgcgt gccgctccgc cgaccgaaga ggctggacat gacaccagtg 60
   gcatatcacg gccatggggg ctcagcattc cgctgctgct cgccccctct cctgcaggcg 120
   aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gagcaggaag aagccattgc 180
   tcagttccca tatgtggaat tcaccgggag agatagcatc acctgtctca cgtgccaggg 240
   gacaggctac attccaacag agcaagtaaa tgagttggtg gctttgatcc cacacagtga 300
   tcagagattg cgccctcagc gaactaagca atatgtcctc ctgtccatcc tgccttgtct 360
30 cctggcatct ggtttggtgg ttttcttctt gtttccgcat tcagtccttg tggatgatga 420
   cggcatcaaa gtggtgaaag tcacatttaa taagcaagac tcccttgtaa ttctcaccat 480
   catggccacc ctgaaaatca ggaactccaa cttctacacg gtggcagtga ccagcctgtc 540
   cagccagatt cagtacatga acacagtggg gaattttacc gggaaggccg agatgggagg 600
   accgttttcc tatgtgtact tcttctgcac ggtacctgag atcctgggtg acaacatagt 660
35 gatcttcatg cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcatgacct agagctcctt 720
   ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgctatt 780
   ggttcttcca cacagcgctt gtagaagaga gcacagcata tgttcccaag gcctgagttc 840
   tgggacctac cccacagtgg gtgttaaggc agagggaagg aattggttca ctttaacttc 900
   ccaggcaaac attcctcctg gccacttagg gagggaaaca ccttccttat gggttacat 960
40 ttgttggttg ttcaggaacc aggcggattc agttgcctag gcgtgttgcc ccagcaatta 1020
   gtttgggcat tgca                                     1034

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 947 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

15 cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60  
ctacaccatg cacctgacca cattgtgcaa cacgtgattg gacaacccaa cccagagaaa120  
caaggatcag ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180  
ggtggaggag cccgagacat tagtggaact tcaaaggaat gagtgggata caatcatcga240  
atgggctgag aaaagatacg gcgtggagat cagctcctcc accagcataa tgggacccag300  
catccctgcc aaaactcggg aggtgctcgt cagccacctg gcattctaca acacatgggc360  
20 tttaaaagg attgagttg tagctgccc gctcaagtc atggtgctaa ccttgggcct420  
gattgacctg cgcctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggagta480  
ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggcccatgac tatgagctgc aggagctgcg540  
ggcccgacc gccgcgggca cctcttcat ccatctctgc tccgagagca ccacagtcaa600  
gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagagcacac tcagcaggat agaggcagtg660  
25 cagccacagc tcccccgcc ttcagggtc cccagcctgt ggggctggct tccttggctt720  
ttggggactc ggccctcagcgc tcaccctgag attcccccg agacacagtg cgctagtacg780  
gctgtccgga ggtcagcctg atttcaacc aggtgcccct ggccctggcca gcagtgaatg840  
taggagatga attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900  
30 ccctggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 947

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 497 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

ctctgtggcga gagactgaga taaaagagca actcactgaa cacctttgta cgatcataca 60  
 gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagtt ggaggagttg atgcaacaac tagatgtaga120  
 agccgatgaa gagactttgg agcttgaggt ggaggtcgag agattgctac acgaacaaga180  
 5 agtagaatca aggagaacag tggttcggtt agagaggcca ttccagcctg cggaggagag240  
 tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttcccaaaa300  
 ggtagatgac cagtgtggaa attccagtag catccccctt cttagtccaa actgccccaaa360  
 tcaagaaggt aatgacattt cagctgcttt ggccacatga agttctggta ttcttttgag420  
 ctaatatggt attgagtaaa gtatactttt tgcagtagat catgccctga cctccaataa480  
 10 aaacctcttt aaaacaa 497

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

cggggagagg tgggctgggc tgcaggtcct ggcgttgtgc tggatcatcg cgcccgact 60  
 ctgaagtttt ctccgtggcg ctcccttgaga ggggttcctc ctgcatcttg agaataatttt120  
 gcatttcggc tcccttctct tctcgtgcc atcggatgcc ccaaataggt cctgtccctt180  
 40 cgggtgaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcagggtca gagtccaagt acagatgagc240  
 ttgagaggga ttctgaaatg caacggccc 269

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

45

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1717 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

15 attctaggac caacactcct gtggagacgt ggaaagggtc caaaggcaaa cagtcctata 60
   cctacatcat tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccctccag aggaccactt 120
   ttcatgaggc aagcaggaag tacaccacag acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180
   ccaatggtat gaatggcgtg gcctcctact gccgtccctg tgccctagaa gcctctgatg 240
   tgggtcctc ctgcacctct tgcctctgtg gttactatat tgaccgagat tcaggaaacct 300
   gccactcctg cccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggt gtccaggcct 360
20 gtgtgccctg tgggccaggg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420
   gcaccttctc aegcaacact ccaaccagga ctttcaacta caacttctcc gctttggcaa 480
   acaccgtcac tcttgtctga gggccaagct tcacttccaa agggttgaaa tacttccatc 540
   actttaccct cagtctctgt ggaaaccagg gtaggaaaat gtctgtgtgc accgacaatg 600
   tcactgacct ccggattcct gagggtgagt caggggtctc caaatctatc acaacctacg 660
25 tctgccaggc agtcatcac cccccagagg tgacaggcta caaggccggg gtttccctac 720
   agcctgtcag ccttgtctgat cgacttattg gggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780
   tcacctcccc agctgaactt ttccacctgg agtccttggg aataccggac gtgatcttct 840
   tttataggtc caatgatgtg acccagtcct gcagttcttg gagatcaacc accatccgcg 900
   tcagggtcag tccacagaaa actgtccctg gaagtttgct gctgccagga acgtgctcag 960
30 atgggacctg tgatggctgc aacttccact tcctgtggga gagcgcggtc gcttgccgcg 1020
   tctgtcagtg ggctgactac catgctatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga 1080
   ctacttacgt gtggcgagaa cccaagctat gctctggttg catttctctg cctgagcaga 1140
   gagtcacat ctgcaaaacc atagatttct ggctgaaagt gggcatctct gcaggcacct 1200
   gtactgccat cctgtccacc gtcttgacct gctacttttg gaaaaagaat caaaaactag 1260
35 agtacaagta ctccaagctg gtgatgaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgccagcag 1320
   ctgacagctg cgccatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacctcatc ttaccagca 1380
   agaagtcact ctttggaag atcaaatcat ttacctccaa gaggaactct gatggatttg 1440
   actcagtgcc gctgaagaca tctcaggag gccccagacat ggacctgtga gaggcactgc 1500
   ctgctcacc tgcctcctca ccttgcatag cacctttgca agcctgcggc gatttggttg 1560
40 ccagcatcct gcaacaccca ctgctggaaa tctcttcatt gtggccttat cagatgtttg 1620
   aatttcagat ctttttttat agagtaccca aacctcctt tctgcttgcc tcaaacctgc 1680
   caaatatacc cacactttgt ttgtaaatta aaaaaaa 1717

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1419 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```
ggcagaggta ttacctgaaa acttaaaaga aggcctgaag gaatcttcct ggagttcatt 60
accatgtact aaaaacagac cttttgattt tcattcagtg atggaagagt ctcagtctct 120
caatgaacct agcccaaagc agagtgaaga aataccagag gtcacttcag agcctgtcaa 180
15 aggaagctta aaccgtgctc agtcagcaca gtctataaat tcaacagaaa tgcctgccag 240
agaggactgt ttgaaaaaag agtgccctca gaacctgttc tgtcagttca agaaaaaggt 300
gttctgtctga aaagaaagt gtctctttta gaacaggatg tgattgtaaa tgaagatgga 360
agaaataagc tgaaaaaaca aggagaaact cccaatgaag tctgtatgtt ttccttagct 420
tatggtgata ttccagaaga attaatcgat gtctcagatt tcgagtgttc tctctgcatg 480
20 aggttgtttt ttgagccagt aacaaccctc tgcggacatt cgttctgtaa gaattgtctt 540
gagcgttggt tagatcatgc accatattgt cctctttgca aagaaagctt aaaagagtat 600
ctagcagata ggaggtactg tgtcacacag ctggttgaag gaattaatag tgaagtatct 660
gcctgatgaa ctgtctgaga gaaaaaaaat atatgatgaa gaaactgctg aactctcaca 720
cttgaccaag aatgttccaa tatttgtttg cactatggcc taccctactg tgccttgccc 780
25 tctccatgta tttgagccaa gatacagatt gatgattcga agaagtatac agactggaac 840
caaacagttt ggcattgtgtg tcagtgtatc acaaaatagt tttgcagatt atggttgtat 900
gttacaaatt agaaacgtgc atttcttacc ggacggaagg tctgtggttg atacagttgg 960
aggaagcggg tttagggttt taaaaagagg aatgaaagat ggatattgca ctgccgacat1020
tgaatatctg gaagatgtta aggttgagaa tgaagatgag attaagaatc tcagagagct1080
30 tcatgatttg gtttactctc aagcctgcag ctggtttcag aatttaagag acagatttcg1140
aagccaaatt cttcagcatt tcggatcaat gcccgagagg agggaaaacc ttcaggcagc1200
ccctaattgga cctgcatggt gttggtggct tcttgagatt ctccctgtag acccacgata1260
ccagctgtcg gttttgtcaa tgaagtcttt gaaagaacgg ttgaccaaga tacagcatat1320
actgacctat ttttctagag accaattcta agtaactaac tctttgggat cttccctttg1380
35 aaagttgacc cctaattctt gggctgccat ttggttggg 1419
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

```

5' agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
aagggccggg gggcgagaaa tgcccgctc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctccc agagggaag180
gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
10 cccatgaaag ctgtgggact ggcctgggcc atcggttcc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttg gtctgggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
15 ccagagggcg catgaagccc aggtgttg ccaaccctac cctgccccac accaaggagc600
ccaçcaaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
aaaagtcgac c 671

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 524 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

```

aagtgttctc agatgctgat gtttgaagg tcccgggtgg gccatgagga agaagaggag 60
ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctctttgatg catgaacaag atttgaaaat120
45 ctcaagcctg taaagaatac ccctgctatt taaataaagc tcataccaag aggtaacatt180
ttgccccggg ccaaatcag ggttctagt ccctgcattc ctttgaggca aaaaataaat240
gggctatgac tggttaaatg tccaaaaggt gaattctcat ttcatcaca caaagacaga300
tttgcgcat cactcaagca gaatgtggcc atgaatattc agcccctgca tacatacaaa360
gatgtacgca tgattcccc caccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac420
50 atgcacacac gcgcgtgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacaacat480
gcacacatgc acacacgtgc acacatgcac acacggacac actt 524

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 345 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

aaactttctt tctacaaaa atcaaaagct tagctgatag atcatgaaa tagattatga 60  
acagtgaat tcctgagaag gctgaaagt cggggaacca aagcaggga gattagcctt120  
25 agtccggagg agggagaagc agatggaagt cagcagcctg ccttgtttt acgtgtaata180  
tttaaatttg caaattgtat tacaggagg cctactttct gtttttatca agagtttttc240  
ttttgttcaa agacactggt tatgggaata ttttgaaagg gtaagaaacg ctggtataaa300  
aagggtgtgc agattaattt tgaaggctct tacggaacca gtccc 345

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1060 Basenpaare

35 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

5  ggcggtccca ggcaggcca gaagctgggc agcctctgcc gggttcggg aaaaggagct 60
   cctgctgcca ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120
   tcttctatga cgtgctgtcc ccctactcct ggctgggctt cgagatcctg tgcgggtatc 180
   agaatatctg gaacatcaac ctgcagttgc ggcccagcct cataacaggg atcatgaaag 240
   acagtggaaa caagcctcca ggtctgcttc ccgcgaaagg actatacatg gcaaatgact 300
   taaagctcct gagacacccat ctccagattc ccatccactt cccaaggat ttcttgtctg 360
   tgatgcttga aaaaggaaat ttgtctgcca tgcgtttcct caccgccgtg aaattggagc 420
10 atccagagat gctggagaaa gcgtcccggt agctgtggat gcgcgtctgg tcaaggaaatg 480
   aagacatcac cgagccgcag agcatcctgg cggctgcaga gaaggctggt atgtctgcag 540
   aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgcaaaa ggtgaagaac cagctcaagg 600
   agaccactga ggcagcctgc agatacggag cctttggggt gcccatcacg gtggcccatg 660
   tggatggcca aaccacatg ttatttggtc ctgacgggat ggagctgctg gcgcacctgc 720
15 tgggagagaa gtggatgggc cctatgcttc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780
   cggaggaagc aaactcttcg tataaaaaaa gcaggccatc tgcttaacct ttggctccac 840
   cataaggcac tgggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggccctggga 900
   gctgtctgtc tttccctac cccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960
   gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gcccgaattc tgctttccca 1020
20 caaataaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaadaaa 1060

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

45

```

   ctctctctct ttctgtctct tctctgctcc ctctctttct ctctccctc tgccttecca 60
   gtgcataaag tctctgtcgc tcccggaaat tgttggcaat gcctatTTTT tggttttccc 120
   ccgcttctc taaactaact atttaaaggt ctgcggtcgc aaatggttg actaaacgta 180
   ggatgggact taagttgaac ggcagatata ttactgat cctcgcggtg caaatagcgt 240
50 atctggtgca ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgatgc ggtcttcaag ggcttttcg 300
   actgtttgct caagctgggc gacacatggc caactaccg caggcctgga cgacaagacg 360
   aacatcaaga ccgtgtgcac atactgggag gatttcaca gctgcacggt cacagccctt 420
   acggattgcc aggaaggggc gaaagatat tgggataaac tgagaaaaga atccaaaaac 480
   ctcaacatcc aaggcagctt attcgaactc tgccgcagcg gcaacggggc ggccgggtcc 540
55 ctgctcccg cgttcccggt gctcctggtg tctctctcgg cagcttttag gacctggctt 600
   tcttctgag cgtggggcca gctcccccg cgcgccacc cacactcact ccatgctccc 660

```

```

ggaatcgcag aggaagatcc attagttctt tggggacgtt gtgattctct gtgatgctga 720
aaacactcat ataggattgt gggaaatcct gattctcttt tttatttcgt ttgatttctt 780
gtgttttatt tgccaaatgt taccaatcag tgagcaagca agcacagcca aaatcggacc 840
tcagcttttag tccgtcttca cacacaaata agaaaacggc aaaccaaccc cattttttaa 900
5 ttttattatt attaatTTTT tttgttgcca aaagaatctc aggaacggcc ctgggccacc 960
tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tcctccta at aggaaggcga 1020
ggagaggaga aggccagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacgg 1080
gaataattca cgctcacgtc gttcttcac agtatctgt tttgatcatt tccactgcac 1140
attctcctc aagaaaagcg aaaggacaga ctgttggtt tgtgtttgga ggataggagg 1200
10 gagagaggga aggggctgag gaaatctctg gggtaagagt aaaggcttcc agaagacatg 1260
ctgctatggt cactgagggg ttagctttat ctgctgtgtg tgatgcatcc gtccaagttc 1320
actgccttta tttccctcc tccctctgt tttagctgtt acacacacag taatacctga 1380
atatccaacg gtatagatca caagggggg atgttaa atg ttaatctaaa atatagctaa 1440
aaaaagattt tgacataaaa gagccttgat tttaaaaaaa aaagagagag agatgtaatt 1500
15 taaaaagttt attataaatt aaattcagea aaaaaaagatt tgctacaaag tatagagaag 1560
tataaaataa aagttattgt ttgaaaaaaa agtgtcgtt gtttcctacc ccaacctgct 1620
ttcttgaccc agttctcagg gaacctgaag ggacacagga tgccggtgat aagctcacct 1680
cttcaggaag ccgcttcaag cagacctgcc accttcaagc a 1721

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

accctgtggt cccgggtttc tgcagagtct acttcagaag cggaggcact gggagtcagg 60
45 tttgggattg ccaggctgtg gttgtgagtc tgagcttgtg agcggctgtg gcgccccaac 120
tcttcgccag catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgagt ctgcaagact 180
gggaggaact ggggtgataa gaaatctatt cactgtcaag gtttattgaa gtcaaaatgt 240
ccaaaaaat cagtggcggg tctgtggtag agatgcaagg agatgaaatg acacgaatca 300
tttggaatt gattaaagag aaactcattt tccctacgt ggaattggat ctacatagct 360
50 atgatttagg catagagaat cgtgatgcca ccaacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420
aagctataaa gaagcataat gttggcgtca aatgtgccac tatcactcct gatgagaaga 480
gggttgagga gttcaagtgt aaacaaatgt ggaaatcacc aaatggcacc atacgaaata 540
ttctgggttg cacggtcttc agagaagcca ttatctgcaa aaatatcccc cggttgtgta 600
gtggatgggt aaaacctatc atcataggtc gtcattgctta tggggatcaa tacagagcaa 660
55 ctgattttgt tgttcctggg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720
ccaaaaggt gacatacctg gtacataact ttgaagaagg tgggtggtgt gccatgggga 780
tgtataatca agataagtca attgaagatt ttgcacacag ttccttccaa atggctctgt 840

```



```

ctaaggggtg gcctttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatgggc 900
gttttaaaaga catctttcag gagatatatg acaagcagta caagtcccag ttggaagctc 960
aaaagatetg gtatgagcat aggctcatcg acgacatggt ggcccaagct atgaaatcag1020
aggagggtt catctgggcc tgtaaaaact atgatggtga cgtgcagtcg gactctgtgg1080
5 cccaagggtg tggctctctc ggcatgatga ccagcgtgct ggtttgtcca gatggcaagall140
cagtagaagc agaggctgcc cacgggactg taaccctgca ctaccgcatg taccagaaag1200
gacaggagac gtccaccaat cccattgctt ccatttttgc ctggaccaga gggttagccc1260
acagagcaaa gcttgataac aataaagagc ttgccttctt tgcaaatgct ttggaagaag1320
tctctattga gacaattgag gctggcttca tgaccaagga cttggctgct tgcattaaag1380
10 gtttacccaa tgtgcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagttcatg gataaaacttg1440
gagaaaaactt gaagatcaaa ctagtctagg ccaaacttta agttcatacc tgagctaaga1500
aggataattg tcttttggtg actaggctca caggtttaca tttttctgtg ttacactcaa1560
ggataaaggc aaaatcaatt ttgtaatttg tttagaagcc agagtttatc ttttctataa1620
gtttacagcc tttttcttat atatacagtt attgccacot ttgtgaacat ggcaagggaac1680
15 ttttttacia tttttatttt attttctagt accagcctag gaattcgggtt agtactcatt1740
tgtattcact gtcacttttt ctcatgttct aattataaat gaccaaaatc aagattgctc1800
aaaagggtaa atgatagcca cagtattgct ccctaaaata tgcataaagt agaaattcac1860
tgctttcccc tctgttccat gaccttgggc acagggaagt tctgggtgca tagatatccc1920
gttttgtgag gtatagctgt gcattaaact tgcacatgac tggaacgaag tatgagtga1980
20 actcaaatgt gttgaagata ctgcagtcac ttttgtaaag accttgctga atgtttccaa2040
tagactaaat actgttttag ccgcaggaga gtttggaaac cggaataaat actacctgga2100
ggtttgtcct ctccattttt ctctttctcc tcttgccctg gcctgaatat tatactactc2160
taaatagcat atttcatcca agtgcaataa tgtaagctga atcttttttg gacttctgct2220
ggcctgtttt atttctttta tataaatgtg atttctcaga aattgatatt aaacactatc2280
25 ttatcttctc ctgaactgtt gatttttaatt aaaattaagt gctaattacc attaaaaaaa2340
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa
2367

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1321 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

cctggaaaca agatccaaac ccaagtgacc ccgcccgaag gtgaccacgt caggtttaaa 60
aattccaaca aaccgacgtg aacaaataga ccgaccaacc aaatatacaa tccgtcaaaa 120
tacattcact tccactacga aacccaaca aagggtgtga atgcccggcc aggagagacg 180
55 gttttggttt catcaagtgt gtggatcggt atgttcgtat gttcttcac ttcagtgaag 240
ttctggatgg gaaccagctc catattgcag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
tgctctctgc tcaaaagaat catgctatta ggattaaaaa acttcccaag ggcacgggtt 360

```

```

catttcattc ccattcagat caccgttttc tgggcacggt agaaaaagaa gccacttttt 420
ccaatcctaa aaccactagc ccaaataaag gcaaagagaa ggaggctgag gatggcatta 480
ttgcttatga tgactgtggg gtgaaactga ctattgcttt tcaagccaag gatgtggaag 540
gatctacttc tctctaaata ggagataaag ttgaatttag tattagtgaac aaacagaggc 600
5 ctggacagca gggtgcaact tgtgtgcgac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
tcttgggtta tgtggcaact ctgaaggata attttggatt tattgaaaba gccaatcatg 720
ataaggaaat ctttttccat tacagtgaat tctctggtga tgttgatagc ctggaactgg 780
gggacatggt cgagtatagc ttgtccaaag gcaaaggcaa caaagtcagt gcagaaaaag 840
tgaacaaaac acactcagt aatggcatta ctgaggaagc tgatcccacc atttactctg 900
10 gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgttg atccaacaca gactgagtac caaggaatga 960
ttgagattgt ggaggagggc gatatgaaag gtgaggtcta tccatttggc atcggtggga1020
tggccaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagttccaa ttgtgtgtcc1080
tgggccaata tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gccacagtgg1140
aatgtgtgaa agatcagttt ggcttcatta actatgaagt aggagatagc aagaagctct1200
15 ttttccatgt gaaagaagtt caggatggca ttgagctaça ggcaaggagt gaggtggagt1260
tctcagtgat tcttaagagt tcaggcggac tggcagggtc aggcgcctgt agatgttttg1320
g 1321

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 384 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANDE: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

```

ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagctcaca gccgaataag ccaccatgag 60
45 gctgtcagtg tgtctcctga tggctcgtc ggccctttgc tgctaccagg cccatgctct120
tgtctgcccc gctgttgctt ctgagatcac agtcttctta ttcttaagt acgtgagg180
aaacctccaa gttgccaac ttaatccacc tccagaagct cttgcagcca agttggaagt240
gaagcactgc accgatcaga tatcttttaa gaaacggctt ctcatgtgaa aaagtctctg300
gtgggaatag tgaaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tgggtttcca360
50 aagctttttc aacggcaacc tgat 384

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 367 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

20 gggcactggt ggtccggttc ctcaccaaac gattcatcgg tgactatgaa agaaatgcag 60  
gtaaatctcta tactagacaa gtccagatag aagggtgaaac cctggctctt caggttcaag120  
aactccagg tattcaggtc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaataggt180  
gcattcgctg ggcagatgct gtggtgatcg tttctccat cactgactac aagagctatg240  
25 aactcatcag ccagctccac cagcacgtgc agcagctaca ccttgggcac ccggctgcct300  
gtgggtggtc gtgggccaac aaaagtgacc tggtgcacat caaacagggt gaccctcagc360  
ttggact 367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2621 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```

gggcctttgc ccgccttggc ggccggtctc acgttccttg ttctcgctg cagctccgcc 60
atggctccta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
agccgcaatc tctcggccaa gtctcgcg ctcttcttcg gaaacgcgtt catcgtgtct 180
gccatcccca tctgggtata ctggcgaaata tggcatatgg atcttattca gtctgtgtt 240
5 ttgtatagtg tgatgacctt agtaagcaca tatttggttag cctttgcata caagaatgtg 300
aaatttggtc tcaagcacaa agtagcacag aagagggagg atgctgtttc caaagaagtg 360
actcgaaaac tttctgaagc tgataataga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
atcttggtga agaagaatga agttgctgat tatgaagcta caacattttc catcttctat 480
aacaacactc tgttcctggg cgtggctcatt gttgcttcct tcttcatatt gaagaacttc 540
10 aacccacag tgaactacat attgtccata agtgcttcac caggactcat cgccctcctg 600
tctactggct ccaaatagac catgtcagct tcacccctg gctttgtgtc tatgggtggc 660
ctgtggtata tggaaaagta gcagggtggg cagggtggga gacacaagat gtttttatag 720
tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta ttgttttatt ggctgttttt 780
tgacagattg ttgaaattaa atgaattgaa agggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
15 aaaaggaaaa aaatgtcttg caatgtgctg taatcacaag aggagaaaaa aactgttttc 900
cttgatctgt cagagggtcac agtaacctgg gccgagctgt tattatttat tatataatag 960
tagtaggaag ttaataactg gttctctgtg tccaagcac aatattacaa cttcttttgat 1020
accgtaaaata tcagaatgaa tctcttcccc aggggattga acagaagctt aatgtttacat 1080
agtgtttgaa tttgtgatct gaaataacac aaaattaaaa acatgatttc tctaattttc 1140
20 caactagagg aagagaaact tgtggaaaag ttcttttttt ttcgtttttt tttctaaag 1200
aagggcagcc aaggtagtaa cctaaaaata gtgccaggc atatgagagt tgcctacga 1260
ggttaaagaa cacactgttc cactgtatgg ctttggccct gagtggccag ggaggtcaac 1320
ttgacctgc catgttggtt tgacttacta agacacagga atcattgttt tcctgacca 1380
gggtctcaca ccctggagga atgtaaagta agagaaagaa cctctttcct gaatttgac 1440
25 atgtaaaaga cgaagtaaat tttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaat 1500
ttacagtgat tttagtgtt gtcagcattt ttccatgagg actttcatac atttgactct 1560
ttagttcaca gggtcccat gattgtgagc aagatattta tctctttagc cttggggat 1620
ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccggtgat gtacagatat catttctgt 1680
gtatgccatg acttgaaaaa gtttggaag ctcttttagc atatcagcta aaaggatat 1740
30 aatcacagg tgatagcagt tgcattcag taatttcta caagcagcac ccaaaggaa 1800
atatgtcctt aatctttact atccacttc aaatttaatg tgaatttcat acatgttatt 1860
agttgttttc tttataattt tataaaaaat ttcatcggg agtttaactt ccacttccat 1920
gctatcggtg gtgttgggct ccatgcaaga acttggaaga aaaacaggca ggaatgcatt 1980
tgcataatga ccagatcat cttttctgc aactgagaat tatatttcat cattgcttct 2040
35 agaagtctgc aattctttac tttcttttg tgcatatta tctaggtgcc atcactggat 2100
aatgtggagt gactagagaa gtcacatatc actgtaagg acagttagg taacacttta 2160
gaggtttatt atttttaaaa aacttttctt gaactcctgg ccaacatgg gaaacccgt 2220
ctctactaaa aataccaaaa ttagccagg gtgatgggtg gtgcctgtaa tctcagctac 2280
ttgggaggct gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagaggttg agtgagtcga 2340
40 gatcgtgcta ctactgctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa 2400
aaacccaaaa agttttcttt actgttggtt aaaaaaaaaa gccagaccat agtttgactg 2460
gtggcatgga atttgtgtat caaataaatg catttgctta ttgacaaac aaaaagtgtc 2520
cactattggt gaccgagggt ggccggtttt ttgaaattg ggggggaaat ttgccgtgg 2580
gtgggagggc ctttgtgggg ggggaaaaat tgccccctt g 2621

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2019 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

10

```

ctgtatccta atttcttggg gaatgaactc attctttaaag agaagcaaag atttgaggaa 60
aagaggttca aattggacca ctcaagtga agcaccaatg gccacagggt gcagatatatt 120
caagattggg tgggaactga ccaagataac cttgatttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180
gagttactag tgcagaagaa gaaacdaact gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240
15 attcttatgg aattcttcaa ggttgcaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300
cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tgggaagaaat gagtggctta 360
tactctcctg tcagtggagg tagcacagtg cctcaatttg aagctccttc tccatcacac 420
agtagtatta ttgattccac agaatacagc caacctccag gtttcagtgg cagttctcag 480
acaaagaaac agccttggtg taatagcacg tttagcatcaa gacgaaaacg acttactgct 540
20 cattttgaag acttggagca gtgttacttt tctacaagga tgtctcgtat ctcagatgac 600
agtcgaactg caagccagtt ggatgaattt caggaatgct tgtccaagtt tactcgatat 660
aattcagtag gaccttttag cacattgtca tatgctagtg atctctataa tgggtccagt 720
atagtctcta gtattgaatt tgaccgggat tgtgactatt ttgcgattgc tggagttaca 780
aagaagatta aagtctatga atatgacact gtcatccagg atgcagtgga tattcattac 840
25 cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaa atcagctgta tcagttggag tagttaccat 900
aagaacctgt tagctagcag tgattatgaa ggcactgtta ttttatggga tggattcaca 960
ggacagaggt caaagggtcta tcaggagcat gagaagaggt gttggagtgt tgactttaat 1020
ttgatggatc ctaaaactct ggcttcaggt tctgatgatg caaaagtga gctgtgggtct 1080
accaatctag acaactcagt ggcaagcatt gaggcaaaag ctaatgtgtg ctgtgttaaa 1140
30 ttcagccctt cttccagata ccatttggct ttccggctgtg cagatcactg tgtccactac 1200
tatgatcttc gtaacactaa acagccaatc atggtattca aaggacaccg taaagcagtc 1260
tcttatgcaa agtttgtgag tggtaggaaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagcta 1320
aaactgtgga atgtagggaa accatactgc ctacgttcct tcaagggtca tatcaatga 1380
aaaaactttg taggcctggc ttccaatgga gattatatag cttgtggaag tgaaaataa 1440
35 tctctctacc tgtactataa aggaactttt aagactttgc taacttttaa gtttgataca 1500
gtcaaaagtg ttctcgacaa agaccgaaaa gaagatgata caaatgaatt tgttagtgt 1560
gtgtgctgga gggcactacc agatggggag tccaatgtgc tgattgctgc taacagtcag 1620
ggtacaatta agtgctaga attggtatga aggggttaact caagtcaa at tgtactgtat 1680
cctgctgaaa tacatctgca cctgacaatg agagaagaaa cagaaaatgt catgtgatg 1740
40 ctctcccaaa agtcatcatg ggttttggat ttgttttgaa tatttttttc ttttttctt 1800
ttccctcctt tatgacctt gggacattgg gaatacccag ccaactctcc accatcaatg 1860
taactccatg gacattgctg ctcttggtgg tgttatctaa tttttgtgat agggaaacaa 1920
attcttttga ataaaaataa ataacaaaac aataaaagtt tattgagcca caaaaaaaa 1980
aaaaaaa aaaagagaaa agaagggagg agggaaaagg 2019

```

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 1866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

gtggttgctg tgacaggcac tatttgaagt gctttatcat ggattaactc ttaatcctca 60
15 gctaccgtat aaagtaggac ataaccccat ttcacatgca ctacactgag acttgcctcc 120
tctcccccca cattgaagat gttcttcttt cataactata tactattcca ttgcatgaat 180
attctgtaat ttatttaatc ccctatggat tgataattag gttcattata gatagaagt 240
taattaacat tctgtacat gtattttgct acttgtgtgg gtatttctgt aggatgaata 300
actagaaatt tattggatca ggtttcacat ttgcagtttt gaaaactact accaaaaaga 360
20 tttcaccaat ttacaactcc atcattagta agaatgcctg tttgcctata gtctgccaac 420
cctgaatcct taaaaatttt tgccaatctg gtaggcaaaa tttctttctt ttctttgaat 480
attaatgagg aggaacatct tttcatgttt ctgtggcatt tgcatttcct attatgaatt 540
gcttttgccc attttccttt ttttaattat gaaagtctaa tgactacctt ctcattgtat 600
aaaaaacaca gttctttgaa tagagagacc cttttctcca atgctaccaa tcacattcca 660
25 ctaccacag ttaacatac atcctctagt cacctttccg tacgaatata catacacata 720
aaaacacttt ttacataaat aggatctcat attctgtagc tttttaaata tttgggtctca 780
aaaaaagata acaggtcttt aaatttcttt aatgggtgaa tatgattaaa tactatgaaa 840
atgccattat ttattccctt aatttttttc ctctcgctat tacattgcca aagtaaacad 900
cctattcaga tgtctttgtg catgtgtgtg aatatttctt tagtctggag tccagtaagg 960
30 tggatttttg gatcaaaggg tttgttctct gtccaccttc agtcttccca aaggccttca 1020
taactgtatt ttcaccaagt gtatggagaa tgttcatttc cccatataac catacctaca 1080
cttgatagtt tttatctgtt gggcgaaaaa gaaccttttc ttattttgca tttccctgat 1140
tataaaaaaa aatggtgaga ttggggttat tttcatgttt attggccatt tatagtttac 1200
tgtggattgt ttgtatccct tacctgcttt ctattgggtt atgtgtggat atattgtttt 1260
35 tatttgttca gcatctcctt ccccatcttc tggtaacaca acctttattt atttgtgggg 1320
aacctatttc ctgtggctta ggtgagcatg tgaccaggcc tggcctcctg agtcccacag 1380
cttctagacc acagtataa aagaatgggt atataactta agccaggcta aggaaagccc 1440
ttaacagAAC ttctgtgga actactggaa agaaggcttt atggagatcc caggaacca 1500
ggaccatgta agcctgaatt tgtgccatgt ggagagagtc tgtctgagga gaaactcgg 1560
40 tgctagcaga aatggaaga gaactaagtt ctgatgtcat ttttctggag gccctagatc 1620
cagctgtgcc taaagcctgc cctacctcg gactttaaaag ttttgtgagc caataaagtc 1680
cctttcttgt ttaagataat tgaattgagt ttctgttctg attaatatag gttatttgt 1740
ttttcttatt gatttgtaga aaacctttgt aattttaaat tctagacttt atgcactata 1800
taagttaata aaattagcat ggccttccat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1860
45 aaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 1189 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccgggggatgg 60
15 ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggtctt ctgtgccact 120
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaaca gtttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gcggcggttc 240
aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
taaatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgtctcga gacgtcctg acaagtccgg 360
20 aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct cctgcttct cttctgtcac 420
coccgtcct cccccccagg aggtccttg atttatggta gctttggact tgcttcccgc 480
tctgactgtc cttgacttct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
25 atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
aaaaagctga actgcacatc tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaagagaga gaaagagcag 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
30 ctaggttaag gaaggagata aatgaggaaa aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020
tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaaag acagttctgt 1080
cttcaatacc tctgccatca gatgacttta aaaggtccag gagtaaaagt ttatgatgat 1140
gggcaaaagt ccagtgtatt cagtaaagtg ctaatcacia gttggaggt 1189

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare  
 40 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 45 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

5  gagctcgag|ctccgcccgc|gcctgggtccc|agcgcgcgcg|gcgcccgcgtc|cccggcccaa| 60
   ccatggcgctc|ctccgcccgc|ggctgcgtgg|tgatcggttg|cagtggagtc|attgggcgaa| 120
   gtggggccatg|ctgtttgcc|gtggaggctt|ccagggtgaaa|ctctatgaca|ttgagcaaca| 180
   gcagataagg|aacgccctgg|aaaacatcag|aaaggagatg|aagtgtctgg|agcaggcagg| 240
   ttctctgaaa|ggctccctga|gtgtggaaga|gcagctgtca|ctcatcagtg|gttgtcccaa| 300
10  tatccaagaa|gcagttagagg|gtgccatgca|cattcaggaa|tgtgttccag|aagatctaga| 360
   actgaagaag|aagatttttg|ctcagttaga|ttccatcatt|gatgatcgag|tgatcttaag| 420
   cagttccact|tcttgtctca|tgcttccaa|gttgtttgct|ggcttgggtcc|atgtgaagca| 480
   atgcatcggtg|gctcaccctg|tgaatccgcc|atactacatc|ccgctgggtg|agctgggtccc| 540
   ccacccggag|acggccccta|cgacagtggg|cagaacccac|gccctgatga|agaagattgg| 600
15  acagtgcctc|atgcgagtc|agaaggaggt|ggccggcttc|gttctgaacc|gcctgcaata| 660
   tgcaatcatc|agcgaggcct|ggcggttagt|ggagggaagg|atcgtgtctc|ctagtgaact| 720
   ggacctgttc|atgtcagaag|ggttgggcat|gcggtatgca|ttcattggac|ccctggaaac| 780
   catgcatctc|aatgcagaag|gtatgttaag|ctactgcgac|agatacagcg|aaggcataaa| 840
   acatgtccta|cagacttttg|gacccattcc|agagttttcc|agggccactg|ctgagaagg| 900
20  taaccaggac|atgtgcatga|agggtccctga|tgacccggag|cacttagctg|ccaggaggca| 960
   gtggaggggac|gagtgcctca|tgagactcgc|caagttgaag|agtcaagtgc|agccccagtg| 1020
   aatttcttgt|aatgcagctt|ccactcctct|cattggaggc|cctatttggg|aacactgcaal| 1080
   gcccttaatc|agccctctgt|gacataggta|gcagcccacg|gagatccta|gctggctgtc| 1140
   ttgtgtgcag|cctgagtggt|gtggtgcagg|ccggtagtct|gcccgtaact|ttggatcata| 1200
25  gccctgggac|tgggcgacac|gcagcacttg|cggtctcggg|gctgtcgatt|tcctgccacc| 1260
   tgggcagata|acctggagat|tttcacctt|tctttttcag|cttgattgca|tttgagtatg| 1320
   atttgacagc|cagtgtattg|agttttcatg|ttaatatgtg|ggcaaaatat|tttgtaatt| 1380
   attttgttaa|tccctttctg|agtaatctgg|gggtcctt| 1418

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

```

gcagcaacgg|ggtgcggcag|ggtggggaac|gcgggagggg|gccagctccc|aggaaagctg| 60
gtctgcgagc|ggcccctgcc|cggtcccgag|gtccctgcgc|gaccccgccc|ttcccgagac| 120

```



```

cccagccggg ctgccgcccg cgtcccggaa gctccagcct gaaccatgtt tttcacttgt180
ggcccaaagt aggccatggt ggtctccggg ttctgccgaa gccccccagt catggtggct240
ggaggcggtg tctttgtcct gccctgcac caacagatcc agaggatctc tctcaacaca300
5 ctgaccctca atgtcaagag tgaagagggt tacactcgcc atgggggtccc catctcagtc360
actggcattg cccaggtgaa gctttcagag ccttttccc acagtccact tccccatcac420
cctctctccc agacattaag acatcttctg gccacagtct tctcaaccct tgcctgcaga480
gaagttcctc tgctagtctc atcttttcca ggcaccccaa ggcacttgcc tcctcctcct540
ttctttccct gaaatggaag aagcatttct gagagggtc tcccttctct ctctgctttt600
cctctgactt catgagacc ccaccacacc ttctctacc ctactctggc tacaggtaaa660
10 aatccagggg cagaacaagg agatgttggc ggccgcctgt cagatgttgc tggggaagac720
ggaggctgag attgccaca ttgccctgga gacgttagag ggccaccaga gggccatcat780
ggccacatg acttggtggga gggttgggct taga 814

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3039 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttggct ggcaaaattc 60
40 tagggaaact tggccagaaa actggtgttg aaggttttg ctcataataa caagtgccat 120
tgagtttcaa atgaccagca aatatattta gaacccttcc tgttttatgt ctgtacctcg 180
tccaccctc aggtaatacc tgcctctcac aggtacagct gtttcttgga aatcctccaa 240
ccaaatagca gttttcctaa cttgattagc ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300
tctggccaca gctgatgagg gctttctgta ctgcacacag attgtgtact gcacccagct 360
45 ccaggtgact ggtacccact cgagttgtgc cgtgcaaaac ctgtccagta tatgcatgtg 420
gtggccctac tgactggtaa tgggttagagg catttatgga tttaagctt tgaggaaaaa 480
ccatgacttt taacaaattt ttatgggtta tatgcctaaa cccttatgcc acatagtggt 540
aaataattat gaaaaatggt ctgttcataa ttggtagggt ccttttgtga gcaggagca 600
taattattgg tttattatgg taattattat gattttttaa atatcatgta atgttaaaa 660
50 gttttctaac agtttactgt tgcttatctc caagatatta tggaattaa aatttttcca 720
gatgagtgtt acatagattc ttgaattta gtataaaagt actgagaatt aagtttgtac 780
ttccataagc ttggatttta aacactgata gtatctcatg agtaatgtgt gttttgggag 840
agggagggat gctgattgat atttcacatt gtatgaaata ccatgtttga aactcatagc 900
aataatgcta tgctgttgtg atccctctca agttctgcat taaaaatata ttttttctt 960
55 ataggaattg atgtatacca tgaagtcatt gtcagttgta gtagctctga tgttgaatga1020
gatatcatgt ttttagcatt cattttactg actagggtag aagaacactt ttcttggcta1080
catttgagg ataccaggg agtcttgggt gttccttatc tggggaagca aacatttcac1140

```

```

tagtctcttt ttttcatcct ttaaattgta aattaaggat tactcaagct caccattatt1200
caagattggg actcgcttcc cagtcgacac tctgccctgc ctgtcattgc tgcaaagagc1260
tgctgctttg ccaacctaaag caaagaaaaat acggcttctc ttgcattatt ttcccttttg1320
gttgggtttgt tttctagaag tacgttcaga tgctttgggg aatgcaatgt atgatttgct1380
5 agctctctca ccacttaact cactgtgagg ataaatatgc atgctttttg taattaactg1440
gtgctttgaa aatctttttt aaggagaaaa aatctcaac aaagtattgc tcatccagac1500
aagctgacct ttgagttaat ttcagcaca ctcattcttc agtgcctcat gactgaaaac1560
aaaaaacaaa aaaacgaag catcttcaca atgaagcttc cagatagcac cgttttgcta1620
aaagatacat tctcattgtt ttccaacagt gatggcttcc acataagggt aaacaaacta1680
10 ggtgcttgta aataatttat tacagtttac tctatcgcat ttctgtaaca tgaaatgcat1740
gcccttcttc aggggaagac tgtggtcaag ttataaaaaa aaaacaatat taaacaacat1800
gaaactgcag tctgtttttg aaaaagagaa tgccttaagt gattcagaag agaggaggga1860
agttgtgcac tctgaaaatg catgaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgtaga1920
actgttaact gagacggctt cgagtcttcc ttctggaatc tgtaaattt cacaaagtca1980
15 tgagggtaaa tggagaaaat atttctggga ttacatgaa tgaagccca aattgtggaa2040
ttgccagtaa cctggatggg gaaaagcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgc2100
ctgtgagatg ttcactcagt tttatagaa atggtgttgc tgggaaacca agtttgcacc2160
tgaaacttta caatgcactt tagcgcagta agggcttggc atccgtagt gaaaaactgt2220
ctaaccagc attgctcaaa ctattttgac accaggacct ttttctcct tgggatact2280
20 atgaacctct cactaattgt ctgtggagaa cattttggga aacactatgt tagatagt2340
tttaaggaga caaaacggt atgaacagat agcactggg cagaatatgc atgcattttg2400
taacgtccag tgtggcggtt aatagatgtg tatttctcd cctgcagaaa ataagcacag2460
aaaattataa ttaggtgat cggagctctt tcctttgata gagagaacag cccaatgat2520
cctggctttt tcaactgaac tatcagaata catggatgaa ttggggtaaa taaggtttta2580
25 attcagatct agaagaaagt attgtacgtt tgaatgcaga tcttatcca cagatagt2640
tagtgtttag acatgacagg acctatcggt gaggtttcta agacttacta tgggctgtaa2700
acctgtttt taaaactatt ttagaaacct gagacttgc gctggcatt ttagttta2760
acaaactaat gattgcattt gaaagagatt cttgacctta tctctaaacg tctagagctc2820
tgaaatgtct tgatggaagg tattaaacta ttgctgtt gtacaaagaa atgttaagac2880
30 tcgtgaaaag aattactata aggtactgtg aaataactgc gattttgtga gcaaaacata2940
cttggaatg ctgattgatt tttatgctt ttagtgtatt gcaagaaca cagaaatgt3000
agttttgtt taataaacca aaaattgaac ataaaaacc 3039

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1448 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

taaccaatetg aagggggaag eeggegecgcc atcgectccc ggcgctccct ccccgactcc 60
taagtccttc ggccgcqacc atgtccgcct cggctgtctt cattctggac gttaagggca 120
agccattgat, cagccgcaac tacaagggcg atgtggccat gagcaagatt gagcacttca 180
5 tgcctttgct ggtacacggg gaggaggaag gcgccttggc cccgctgctg agccacggcc 240
aggtccactt cctatggatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300
atgccaatgc ctccctggtg tactccttcc tgtataagac aatagaggta ttctgcgaat 360
acttcaagga gctggaaggag gagagcatcc gggacaactt tgtcatcgtc tacgagttgc 420
tggacgagct catggacttt ggcttccgcg agaccaccga cagcaagatc ctgcaggagt 480
10 acatcactca gcagagcaac aagctggaga cgggcaagtc acgggtgccca cccactgtca 540
ccaacgctgt gtcctggcgc tccgagggtg tcaagtataa gaagaacgag gtcttcattg 600
atgtcataga gtctgtcaac ctgctgggtc atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa 660
tcgtcggtag catcaagctc aaggtgtttc tgtcaggaat gccagagctg cggctggggc 720
tcaatgaccg cgtgctcttc gagctcactg gtcgagagaa gaacaaatca gttagagctgg 780
15 aggatgtaaa attccaqag, tgcgtgcggc tctctcgctt tgacaacgac cgcaccatct 840
ccttcatccc gcctgatggt, gactttgagc tcatgtcata ccgcctcagc acccagggtca 900
agccactgat, ctggattgag, tctgtcattg agaagttctc ccacagccgc gtggagatca 960
tgggtcaaggc caaggggagc ttttaagaaac agtcagtggc caacgggtgtg gagatatctg1020
tgcctgtacc cagcgatgcc gactcccbca gattcaagac cagtgtgggc agcgccaagt1080
20 atgtgccgga gagaaacgtc gtgatttgga gtattaagtc tttcccgagg ggcaaggagt1140
acttgatgag agccacttt, ggcctcccca gtgtggaaaa ggaagaggtg gagggccggc1200
ccccatcgg ggtcaagttt, gagatcccct acttcaccgt ctctgggatc caggtccgat1260
acatgaagat cattgagaaa agtggttacc agggccctgc cctgggggtt cgctacattc1320
acccagagtg ggcgattacc aactttcgtt accagctagg aaggggagaa gagatggggg1380
25 ggttttaaca cgggggttgc tttacagccc cggatgcaga tttttagaag ggagggcagg1440
tgcgggtt 1448

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1394 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg 60
gtggagtggc agcttagaat tgcagcagga gagaagattc ctttgagcca ggaagaaata 120
actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatcctag caataacttc 180
55 atgcctgtgg caggccatt agtgcacctc tctactctc gagcagaccc ttccaccagg 240
attgaaactg gagtacggca aggagacgaa gtttccgtgc attatgaccc catgattgag 300

```

aagtgggtcg tgtgggcagc agatcgccag gcggcattga caaaactgag gtacagcctt 360  
 cgtcagtaca atattgttg actgcccacc aacattgact tcttactcaa cctgtctggc 420  
~~cacccagagt~~ ~~ttgaagctgg~~ ~~gaacgtgcac~~ actgatttca tccctcaaca ccacaaacag 480  
 ttgttgctca gtcggaaggc tgcagccaaa gagtctttat gccaggcagc cctgggtctc 540  
 5 atcctcaagg agaaagccat gaccgacact ttcactcttc aggcacatga tcaattctct 600  
 ccattttcgt ctacgagtgg aagaagactg aatatctcgt ataccagaaa catgactctt 660  
 aaagatggta aaaacaatgt agccatagct gtaacgtata accatgatgg gtcttatagc 720  
 atgcagattg aagataaaaac tttccaagtc cttggtaatc tttacagcga gggagactgc 780  
 acttacctga aatgttctgt taatggagtt gctagtaaag cgaagtgatt atcctggaaa 840  
 10 acactattta cctattttcc aaggaaggaa gtattgagat tgacattcca gtcccaaat 900  
 acttatcttc tgtgagctca caagaaactc agggcgggccc cttagctcct atgactggaa 960  
 ccattgaaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtga agcgggagat tccctcatgg 1020  
 ttatgatcgc catgaagatg ggcatacca taaagctctc aaaggatggc acagtaaaga 1080  
 aagtgttcta cagagaaggt gctcaggcca acagaacac tcctttagtc gattttgagg 1140  
 15 aggaagaatc agacaaaagg gaatcggaat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaagt 1200  
 agtgtcttct ctctccacca aaaagaggaa gtgcctccag cttttctggg ggtctcataa 1260  
 agagcagttt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca cctttcatat tggagaatca 1320  
 tgcatttggg tcactaatta tctcaaaaata tttcatacta ataaagttga attatttttt 1380  
 attggaagcc aaaa 1394

20.

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 734 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

45 gccgacaaga tggtcttgct gcctcttccg gctgcggggc gagtagtcgt ccgacgtctg 60  
 gccgtgagac gtttcgggag ccggagtctc tccaccgcag acatgacgaa gggccttggt 120  
 ttaggaatct attccaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaag tgcaggagag 180  
 aattttgata aattgttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatac tggaccacct 240  
 ctgaaggcag ggaagactcg aaccttttat ggtctgcac aggacttccc cagcgtgggtg 300  
 50 ctagttggcc tcggcaaaaa ggcagctgga atcgacgaac agggaaaactg gcatgaaggc 360  
 aaagaaaaca tcagagctgc tgttgacgag ggtgacggc agattcaaga cctggagctc 420  
 tcgtctgtgg aggtggatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgcggaggg agcgggtgct 480  
 ggtctctatg aatacgtatg cctaaagcaa aaaaagaaga tggctgtgtc ggcaaagctc 540  
 tatggaagtg gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc tgtttgcttc tgggcaagaa 600  
 55 cttgggcacg ccaatttgat gggagacgcc agccaattga gattgacgcc aaccagattt 660  
 tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttggtagtta gttaaaaccg aggtcctttt 720  
 cagaccccaa tttt 734

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 5 (A) LÄNGE: 692 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32
- 25 tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca ggcctatgga ggactctgaa gcactgggct 60  
 tcgaacacat gggcctcgat ccccggtctc ttcaggctgt caccgatctg ggctggctcgc120  
 gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg180  
 ctcgggcccg caccgggtcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt240  
 30 tgcctccatag gaaggcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg300  
 ttcctaccaaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact360  
 gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag420  
 ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgcata ttaagccact480  
 tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttggtggtg gacgaagctg540  
 35 accttctttt ttcccttttg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttcctc tggctacttt600  
 gcccccggat tttaacaagg cttttctcat gtcagctact tttaacgagg acgtacaagc660  
 actcaaggag ctgatattac ataagccggt at 692

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 571 Basenpaare  
 45 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

10

15

20

```
ctgccacgca cgactgaaca cagacagcag ccgcctcgcc atgaagctgc tgatggctcct 60
catgctggcg gccctcctcc tgcactgcta tgcagattgt ggctgcaaac tcttgaggga120
catggttgaa aagaccatca attccgacat atctatacct gaatacaaaag agcttcttca180
agagttcata gacagtgatg ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtgtttctc240
caaccagtca catagaactc tgaaaaactt tggactgatg atgcatacag tgtacgacag300
catttggtgt aatatgaaga gtaattaact ttaaccaagg cgtttggttc agagggctac360
agactatggc cagaactcat ctgttgattg ctagaaacca cttttctttc ttgtgtgtc420
tttttatgtg gaaactgcta gacaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480
actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 322 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

45

50

```
tcaagctgtg ggtgagaagc tctctagcag ggactctgac cttatggagg atcgtgttt 60
ccccatttt tccttttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcacccttca aacagcctgt120
gagcctaaat tttgtggcc atgggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaaggga180
aaagtcctgc gacatctttg gccatcaaac tccaaccagc tcaccaacc agagcctctg240
aggaatggcc cttcttgcg gggaaccctt tacaatgggc ctcttgactg atgtttcccc300
aaaacagtgc ccctgtcatc ag 322
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1559 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

gcacgagttg agagtgaagt tgtgtgtgtg cgtgtgcacg tgcacacatg tgcacggttg 60  
 tatgtatggg aaataaactt ataaatgggg acgtattgga gaaggaaata catagaccta 120  
 25 caactttgag caaatagcag tgaatgttta ggaactgaaa tgtcacactt aaagtcttca 180  
 gccacgctac ttccctattt ttggcgggga gaagagggcc tgattagaac tgttctggtt 240  
 gtgtttggcg ggagggggaat aatttttgtt cagtccttct tagtgaccaa actttaattt 300  
 ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360  
 gagtggagtt ctgtgttgc cacaatgtta aagcttgctc accttcagag cagagggaat 420  
 30 acctatcttc agatatccgc ccattttcat ctcttcatta tagtcaaaca gtgtgacttg 480  
 agagtgttgc tctggtgtct gtattctggc ttatgaagat tatttgaaaa agaactctta 540  
 ctacattgaa atgcagactt ttaaaaattt aaatattgga ttaggcagtc aaaaaaccaa 600  
 acaagcataa aaggtcaata agttgtaatc ttaaaagtaa aggtggaaaa ctattataa 660  
 atggaagaaa agttttgatt tccttttttg tttgatgggc agtatgccat attataccca 720  
 35 aagttctttt aaaaaatatt tccatcaacc atttttattt aaaataaaca tttgagggaa 780  
 gttaccaagg cagctttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaat agcacatttt 840  
 aggggcatgg ttaatacctg agatttttac tcagtaaatc ctgatgggta ctgtgtgtaa 900  
 aatatcttta agtaggattg aaggcctctg tgggggaata aaatattacc aaagtctata 960  
 aaaataaatt ttaaatgttc tcttttatga cagagagcag cactgggtct gttattttta 1020  
 40 aaatgaataa ttgatttctt gatagggtgt taatatctt tccctcactg ctgattctta 1080  
 gatagaaacc attctttata tttgatagac tgctttcaga aaacccttat caacaagtgt 1140  
 acaatactta tctaaaacta tacattttaga atggagcagt ttaatactag atctcagaag 1200  
 ttttgaaaaa tagcaaagaa gactggattt ggaagcatg gtctacaatt gggtgttaaa 1260  
 ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaa ctttggatta tgaaacccca tttatgattt 1320  
 45 tttaaataca cttgaaataa aaatgattaa actaaatttt ggtccagtga cattactttg 1380  
 cactgcataa tccattatac gttgtacgac tttttttttt gggttgaatt aataactgag 1440  
 agttttgtgt gaagctacgg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacggtgat 1500  
 tatattatat gggggcattt gtagtgcagc ggaagacgga atttatgcct ttgggaaac 1559

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1072 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

20  cacacgtgct gacggcgggg acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtgttcgc 60
    gtcccccagt aaacacccca tggacagcaa gggggaggag tccaagatca gctaccccaa 120
    catcttcttc atgattgaca gcttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180
    gagatggtct gtgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca gggggtcac 240
    tttcagggtc ccatccgcta cgaggcgctc aagaagggtg atgacaaccg ggtgagcgtg 300
    gccgcccaga tggcacagaa gatgtcgttt ggcttctaca agtacagcaa catggagttt 360
25  gtgcgcataa agggcccccga gggcaagggc cacgccgaga tggcggtcag ccgagtgtct 420
    acagtgtaga cagccccctg tgggactgaa gaggactcca gccagcttc gccatgcac 480
    gagcgggtga cctccttcag cagaccccc accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540
    ttctcccat ccctcaagag gaagggtgcc cggaaccgga tcgctgagat gaagaagtgc 600
    cactcgcca acgacagcga ggagttcttc cgggaggacg acggtggagc cgatctgcac 660
30  aatgcaacca acctgcggtc tcggtccctg tcgggcacag gacggtccct ggtcgggtcc 720
    tggtgaagc tgaacagagc agatgaaaac ttccttctct atgcacactt aacctacgtc 780
    acgttgccgc tgcacggat ttaacagac atcctggaag ttcggcagaa gccatccctg 840
    atgacctagc cgcgtgcgga gcctgcgcag agccccggcc gggccagcc ctcgagtg 900
    tgccaagtgc ctacctgtcc accgccacc ggtctgcga tggcacgcca gtgttgagc 960
35  cgcagccagg cgagccact cgactgccgg gcccggggcc gactgcacga acaccagccc 1020
    aaactgaagt gcctctgacg ggccctgctg gcgtgtctc gcctctgtgc cc 1072

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 454 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

gtgctgcatg gagtgagtgg cggcatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60  
aggaccgccc aggaggggca tcacggaggc ttctggacga cttggagctg tgcctgggg120  
10 agaaaaccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggagga agctgccatg cacttttccc180  
tggcattttt cctgcatggt tcgtctgttt ttttgcaaat aacatgttgt catgaatttt240  
tatgcatgag gcatatttca tcatgtctgt atgctgaagt ccccttcac ctttcaattg300  
gttggtggac aggagagaga ggtccaaggt gccctacatc gtgcgccaat gccgtgggag360  
gagatcgagc gccgaggcac ggaggagggt ggcatctacc gcatgtctgg ggtggccgca420  
15 gacatccagg cactgaaggc agccttcaac gtca 454

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 700 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

40

cttgtcggag ccctaaccag gggatatctct gagcctgggt ggatcccggg agcgtcacat 60  
cactttccga tcacttcaaa gtgggttaaaa actaatattt atatgacaga agaaaaagat120  
gtcattccgt aaagtaaaca tcatcatctt ggtcctggct gttgctctct tcttactggt180  
tttgacccat aacttcttca gcttgagcag tttgttaagg aatgagggtta cagattcagg240  
45 aattgtaggg cctcaacctg tagactttgt cccaaatgct ctccgacatg cagtagatgg300  
gagacaagag gagattcctg tggatcatcg tgcatttgaa gacaggcttg ggggggcat360  
tgcagctata aacagcattc agcacaacac tcgctccaat gtgattttct acattgttac420  
tctcaacaat acagcagacc atctccgggt ctgggtcaac agtgattccc tgaaggcat480  
cagatacaaa attgtcaatt ttgaccctaa acttttgtaa ggaaaagtaa aggaggatcc540  
50 tgaccagggg gaatccatga aacctttaac ctttgcaagg ttctacttgc caattctggg600  
ttcccagcgg caaaggaagg cccgtttaca tgggggttgat gatgttattt gtggcagggtg660  
ggattttttg ccctttacat tacagcagtg aggccggggc 700

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

25 ccggcctgcg gtgggcagca gctcaggttc tccaaatcat tgcgtagttc cgaataacct 60  
 cggccacacc tggccttctc catgctcgga ataacttcct gcagcgacca acaggctaaa120  
 gagggggaag ggatccagca ccggctcctc ctccggcaac cacggtggga gcggcgagg180  
 aaatggacat aaaccgggt gtgaaaagcc agggaatgaa gcccgcgga gcgggaaatc240  
 tgggattcag ggcttcagag gacaggaggt ttccagcaac atgagggaaa taagcaaaga300  
 30 gggcaatcgc ctccctggag gctctggaga caattatcgg gggcaagggt cgagctgggg360  
 cagtggagga ggtgacgctg ttggtggagt caatactgtg aactctgaga cgtctcctgg420  
 gatgtttaac ttgacactt tctggaagaa ttttaaattc aagctgggtt tcatcaactg480  
 ggatgccata aacaagaacc aggtcccgcc ccccgacacc cgagccctcc tctacttcag540  
 ccgactctgg gaggatttca aacagaacac tcctttcctc aactggaaag caattattga600  
 35 ggggtcggac gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccgagtcag aactacaatt660  
 acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtgggaagta ctcagtcaag acccctgcaa720  
 agggggggag tctcaccttc ttccctcggt tcccgggtgc aacctgggcc tgcttgag780  
 tgggtgaagt tttgtaagg caatttcttg caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840  
 actgggttcg tcaagggaag ctccctcccc ctttggggcc cccagccttg tggcaggccc900  
 40 ctgggcccgg gttg 914

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1669 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

gagctgcagc agagcaggtg acagctcttg cacctgtttc tcttgacact gacgtgcagc 60
tgctcctacc cacctctcct ggctgagcct tgctgatac agcagcccg aggcaccact 120
15 tgcttcccg gtctcaccct cccaggcagc tcctacactc aactgcttct ctaggaaagg 180
tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaagcc ccatccttgg cttagggagc 240
gccatgacga ctgaaattgg ttggtggaag ctgactttcc tccggaaaaa gaaatccact 300
cccaaagtgc tgtatgagat ccctgacacc tatgcccaaa cagagggaga tgcagaacct 360
ccgaggcctg acgctggagg ccccaacagc gactttaaca cccgcctgga gaagattgtg 420
20 gacaagagca caaagggcaa gcacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480
aagaaagtga gagccacgct ggcagagaac cctaacctct ttgatgatca cgaggaagga 540
cggatcatcaa agtgaagggc tgaggagggt gctagcacct cttggctccc tgccatcagc 600
cagatctgag acaggacctt gccacgctgg cctctttggc catagctgaa gctgtggggc 660
cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttat gtgccgccac 720
25 ttttgaagg cctgggagat cccagggtcc tccacctcc ccctgaccac atacaaaggc 780
actctagttc aagagtgaag agtctcacc aggaggaaca gccctccttg aagcaatggc 840
agggccagca gggagggtgg catggcaggg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900
ctccttactg gacacagggt caaggcgag tttcaattgc tgctcccttt actttctcta 960
cctgtgacta ctccctggac caatcctgag gagggcacat tttccagaag ccacgtgata 1020
30 ggggctggtt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctccaaacac 1080
cggcagtaaa cttcctggaa ctttgccctc aggtgcggag gggacagag accctggcac 1140
tctgttaggg tgctgtagaa gactagattg atggtagttt ggctgttag ttctgttttt 1200
ggccatgact tttgcagatg gcaagtcaca caccctcaaa gggaagctac acgggccaaa 1260
tcgggggagt ggggtgggaa tttctcctc tccctttcct actataatag tatttaagac 1320
35 atatcagctc cagagatgag tcctggagcc ttgaattttg ttttaacaaa taattgtagg 1380
tttctctctg taataacaac gctggaaagg cagagaacct cttttatgct catgtcttgc 1440
atattattgag atgactgttt ctcatgcctt tatgttcctt catgtaagta aagtggacct 1500
ttgtgtctca aaaaaaatt tcaagcttca ggaagggtt cccaaggtg gacaatgtag 1560
gaacctgggt cactaatttt taccatcaaa cctagcctta gtatgggat ggggcaagca 1620
40 gaaggagcta gttacacctc agtggtcagt tctctccagt caacagaga 1669

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

10 ccggcctccc ctcgctctga ggctcggggg cccagctcc gcgtaaactg cacgatttcg 60  
 ccctctgctc agtccctc tgcccctct tccaagaga gacttcaga tcccacattt120  
 tcttgactga ttttgaagct gtctgtttgc attctgattg ggaacactgg gatcattttc180  
 atcatgccga cagtgggtgt aatggatgta tccctttcca tgaccgagc tgtgtctatt240  
 gaggggtccg aggaatacca gcgtaagacc tagcagcca tggtttaacg atgcttgttt300  
 15 tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca cttgtggttt ttcca 355

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 2628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42

40 ggggtgcgcct gctttcgccc tctttctcca gcgggagggg cgcggacttc cgcggggcgg 60  
 agtccgtcta gtgctgacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gcgggctgca 120  
 cattcccgtt gttgcgttgc gtttcttcc tctttcactc cgcgctcacg gcggcgccca 180  
 aagcggcgcc gacggcgccg cgagaacgac ccggcgccca gttctcttcc tcctgcgcac 240  
 45 ctgccctgct cggtcagtca gtcggcgccg gcgcgccggc ttgtgctcag acctcgcgct 300  
 tgcggcgccc aggccagcg gccgtagcta gcgtctggcc tgagaacctc ggcgctccgg 360  
 cggcgcgggc accacgagcc gagcctcgca gcggctccag aggaggcagg cgagtgcgag 420  
 agtccgaggg gtggccgggg cagggtggtg gcgcgcgaag atggtcgcca agcaaaggat 480  
 ccgtatggcc aacgagaagc acagcaagaa catcaccag cgcggcaacg tcgccaagac 540  
 50 ctcgagaaat gcccccgaag agaaggcgct tggtaggacc tggttattgg ctctcttcat 600  
 ttttggttgc tgtggttctg caattttcca gattattcaa agtatcagga tgggcatgtg 660  
 aagtgcactga ccttaagatg tttccattct cctgtgaatt ttaacttgaa ctcatctctg 720  
 atgtttgata ccctggttga aaacaattca gtaaagcatc ctgcctcaga atgactttcc 780  
 tatcatgctt catgtgtcat tccaagggtt ctcatgagt cattccaagt tttctagtcc 840

```

ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaagc aataaaattt gattgttaag 900
atacagtagt ggacctact tattcagtca attaagagta agttttttta tgtgggttatt 960
aaaacagtat gaacaattag tctaactctg catagacagg gtctagattt tgttaaccca1020
aatgtataac tgcagttagc ttaaattaca atttgaagtc ttgtggtttt tatatagcta1080
5 ggcactttat tactcttttg aactgaaagc acactccctt ataggttcat gtaactgtcc1140
tgtaataagg tgcttataaa tgaacaact acacagccta gttttgccac aaccttttagc1200
atctaaaaag ttttaaaagc ttctaaatgt ctaatatataa gggagatgct tatagccaca1260
acatctattt taccaatatt gtttccatta cactaccttg gattttgcat gagttagtat1320
agtaacccaa gatgccataa aaaaaaactt gatcgtttct tgacttaatc agttactgtg1380
10 gtttcactaa aagctaccgt ggtggagtga atgcagtcag ggaagggttg tttatgttac1440
atatttttca ccagaactat tttaatatat caaagggtt tactatgcca aacaaaattc1500
tagggaaaaa tactgctaaa aatggatgcc tcatcagaac atgctgttga gtccaatgtg1560
ccataagaca ttttagcatg ttaaataagca cttttaatag caaaaaaagg cacatcaact1620
gcgaagttat ccttagtttg caaatgcttt ttctagatta atgatttttc aatcattagg1680
15 gtactagaca catcagccta aagtggcctc tgggaattgaa tggatttact gataatgatc1740
agtctttagt cttccctttg ttatatgact ttataggtta tgattgatca aatttacgtt1800
ttactaatgg taagggtgag ggtcataggg cagggttttg gttttctagt actgttgaaa1860
actgcaagta ttggctatct gtatacttag ccataaactg gtgaaaaaaa acctgagcag1920
tgtctatgta ttaatgcgtt ggaaagaaaag ctgcttgtgt ttgctttgtt aattgcctca1980
20 ggatatttct tttaaaataa gctgttttaa gaggaacaga agggaaatct gctacctagt2040
ctatacacag cgtgaacctc acagggggct tctgataccc tcaaactagg agaacagtaa2100
gggagcagag tggttaagga ctttcaggaa cttaactatt ctggaataag gaatgaatca2160
actgaccttg ggccagcagg tttttaacta aattgttact tgcctttctc acccagttaa2220
tcagtctctg tacttgttct cctttttgaa acaagtgtct tggttaacta attctgtttt2280
25 atgggtgtgc taaattcata gcagggtgct tattctttgc ttttagtcaa accattccat2340
atcagaattt tccttggttt actatagata tttggcttta agttgtgtgc tgtgtttttt2400
aatgtacaat gttctgataa atttgactgt taaattgcta tagctagcaa tcattttaca2460
tatgtaaaat tgcattccct ttgtatttca tgtgtaattc accaa tag tgcagtttat2520
attcaggttg gattatgcat gtttaggtaa acgaaagctg tgtcttactt gattttattct2580
30 ttaaaaaataa agttccctga atatttgaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2628

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 2535 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

55 agttcggcac agggggagga acctggccct gggaggaggc tgttgctgct tcttacagaa 60
tcccgttctg aagggaagag catgtttgct ggcgtcccca ccatgctga gagctcccc 120

```

```

aaacagtaca tgcagctcgg aggcaggggc ttgctgggtc tgatgttcat gaccctcctt 180
cacttttgacg ccagcttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgatgatt 240
ttagtgggcca ttgggttttaa aaccaagctg gctgctttga ctcttggtgt gtggctcttt 300
gccatcaacg tatatttcaa cgccttctgg accattccag tctacaagcc catgcatgac 360
5   ttcttgaaat acgacttctt ccagaccatg tcggtgattg ggggcttgct cctgggtgtg 420
gccctggggc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaga aggagtggta acagtcacag 480
atccctacct gcctgggctaa gaccctgggc cgtcaaggac tgggtcgggg tggattcaac 540
aaaactgcca gcttttatgt atcctcttcc cttccctccc cttggttaaag gcacagatgt 600
tttgagaact ttatttgcag agacacctga gaatcgatgg ctgagctgc tctggagcca 660
10  cagtcctggcg tctgacctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaagcc tccccacgc 720
cgaggctttg gagtgaacag cccgcttggc tgtggcatct cagtcctatt tttgagttt 780
tttggtgggg tacaggaggg ggccttcaag ctgtactgtg agcagacgca ttggtattat 840
catttgaagc agtctccctc ttatttgtaa gtttacattt ttagcggaaa ctactaaatt 900
attttggtg gttagccaa acctcaaaa agttaatctc cctggtttaa aatcacacca 960
15  gtggctttga tgttgtttct gccccgcatt gtattttata ggaatagtga aaacatttag 1020
ggacacccaa agaattgatgc agtattaaag ggggtgtaga agctgctgtt tatgataaaa 1080
gtcatcggtc agaaaatpag cttggattgg tgccaagtgt tttattgggt aacacctgg 1140
gagttttagt agcttgaggc aaggtggagg ggcaagaagt ccttggggaa gctgctggc 1200
tggtgtctgc tggcctccaa gctggcagtg ggaagggcta gtgagaccac acaggggtag 1260
20  cccagcagc agcaccctgc aagccagcct gccagctgc tcagaccagc ttgcagagcc 1320
gcagccgctg tggcagggg gtgtggcagg agtcccagc actggagacc caggactcal 1380
accagttac ctacatggg gcctttctg agcaaggctc cgaaagcgca ggccgccctg 1440
gctgagcagc accgcccttt cccagctgca ctgcctctgt ggacagcccc gacacaccac 1500
tttctgagg ctgtcgctca ctgagattgt ccgtttgcta tgccgaatgc agcaaaatt 1560
25  cctttttaca atttgtgat ccttaccgat ttgatcttaa tcctgtattt aaagttttct 1620
aacactgcct tatactgtgt ttctcttttt gggggagctt aactgcttgt tgctccctgt 1680
cgtctgcacc atagtaaatg ccacaagggg agtcgaacac ctctctggcc cctagacct 1740
tctggggaca ggtggctca gcctgtctcc agggctgctg cgcccagcc ccgagcctgc 1800
ctccctcttg gcctctcatc cattggctct gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgctc 1860
30  ataagtgtt ttggaagtca cctacctttt taacacagcc gaactagtcc caacgcgttt 1920
gcaaataatc ccctggtagc ctacttctt accccgaat attggtaga tcgagcaatg 1980
gcttcaggac atgggttctc ttctcctgtg atcattcaag tgctcactgc atgaagactg 2040
gcttgtctca gtgtttcaac ctaccaggg ctgtctcttg gtccacacct cgctccctgt 2100
tagtgccgta tgacagcccc catcaaatga ccttggccaa gtcacggttt ctctgtggtc 2160
35  aaggttggtt ggctgattg tggaaagtag ggtggaccaa aggaggccac gtgacagtc 2220
agcaccagtt ctgcaccagc agcgccctcg tcctagtggg tgttctgtt tctcctggcc 2280
ctgggtgggc tagggcctga ttcggaaga tgcccttgca gggaggggag gataagtggt 2340
atctaccaat tgattctggc aaaacaattt ctaagatttt tttgctttat gtgggaaaca 2400
gatctaaatc tcattttatg ctgtatttta tatcttagtt gtgtttgaaa acgttttgat 2460
40  ttttgaaaac acatcaaaat aaataatggc gtttggtgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2520
aaaaaaaaa aaaaaa
2535

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 805 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

5  
10  
15  
20

```
ggcacgagcg gcacgagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtaaac 60
cacgatggg aagcaggctg gctggaggct tttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa 120
cccaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac 180
ttgcagggct tccagatcct gtgtgacctg cacgatggct tctctggggt aggcgcgaag 240
gcggcagagc tgctacaaga tgaatattca gggcggggaa taataacctg gggcctgcta 300
cctggctcct accatcgtgg ggaggcccag agaaacatct atcgtctatt aaacacagct 360
tttggctctg tgcacctgac tgctcacagc tctcttgtct gcccttgtc cttgggtggg 420
agcctgggcc tgcgaccgga gccadctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact 480
ctgcccttcc actgcagtgc catcctggct acagccctgg acacagtcac tgttccttat 540
cgctgtgtt cctctcagt ttccatgggt catctggctg acatgctgag cttctgtggg 600
aaaaagggtg tgacagcagg agcaatcat cctttccctt tggtccagg ccagtcctt 660
cctgattccc tgatgcagtt tggaggagcc accccatgga cccactgtg tgcagtgtgg 720
gagccttctg gaacacgttg ctttgcccag tcagtgggtg tgagggggta tagacagagc 780
atgccacaca agccacagac ttaat 805
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

50  
55

```
cggaagtagc cgcaggcatg gcggcggeta tgccgctgtt gctctgctcg tcctgttgct 60
cctggggccc ggcggttgtt gccttgca gaacccacgc gacagcctgc gggaggaact 120
tgtcatcacc ccgtgcctt ccggggacgt agccgccaca ttccagttcc gcacgcgtg 180
ggattcggag cttcagcggg aaggagtgtc ccattacagg ctctttccca aagccctggg 240
gcagctgac tccaagtatt ctctacggga gctgcacctg tcattcacac aaggcttttg 300
gaggaccgga tactgggggc cacccttctt gcaggcccca tcaggtgcag agctgtgggt 360
ctggttccaa gacactgtca ctgatgtgga taaatcttgg aaggagctca gtaatgtcct 420
ctcagggata ttctgcgect ctctcaactt catcgactcc accaacacag tcactccac 480
tgctccttc aaacccttg gtctggccaa tgacactgac cactactttc tgcgctatgc 540
```

tgtgctgccg cgggaggtgg tctgcaccga aaacctcacc ccctggaaga agctcttgcc 600  
 ctgtagttcc aaggcaggcc tctctgtgct gctgaaggca gatcgcttgt tccacaccag 660  
 ctaccactcc caggcagtgct atattccgcc tgtttgcaga aatgcacgct gtactagcat 720  
 ctccctgggag ctgaggcaga ccctgtcagt tgtatttgat gccttcatca cggggcaggg 780  
 5 aaagaagac tggccctct tccgatgtt ctcccgaacc ctcacggagc cctgccccct 840  
 ggcttcagag agccgagtct atgtggacat caccacctac aaccaggaca acgagacatt 900  
 agaggtgcac ccacccccga ccactacata tcaggacgct atcctaggca ctcggaagac 960  
 ctatgccatc tatgacttgc ttgacaccgc catgatcaac aactctcgaa acctcaacat 1020  
 ccagctcaag tggaaagagac cccagagaa tgaggccccc ccagtgcctt tcctgcatgc 1080  
 10 ccagcggtag gtgagtggct atgggctgca gaagggggag ctgagcacac tgctgtaca 1140  
 caccaccca taccgggctt tcccggtgct gctgctggac accgtaccct ggtatctgcg 1200  
 gctgttatc cactaccag cctgccagg accggtgca acccacctc ctggagatgc 1260  
 tgattcagct gccggccaa 1279

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1923 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

gcgcaagaca caggaggccc aggcggcag tcaggacatg gcggcgattt gcagattcca 60  
 40 atctctctgt ttctgcggcg attgaacacc caacattggc gaccgggatc gcggaagtg 120  
 atggctgtcg tccggcgctc tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atattctaca 180  
 attaaagaca gaataccaca gatcttaact aaggttattg atacattgca tcgacataaa 240  
 agtgatattt ttgagaaaca cggagaggaa ggcgaggaa ctgaaaagaa agctatctct 300  
 ctcttttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaac catttatccc cttgggtgag 360  
 45 aaatttgttg atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaaat 420  
 gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtggt tggtggtaga atgttacatg 480  
 tatcgaagaa ttcattgaagc aattatccag agtccaccaa tcgattactt tgatgtattt 540  
 aaagaatcaa aagagcaaaa tttctatggg tcacaggaaat ccatcattgc tttatgtact 600  
 cacctgcaac aattgataag aactattgaa gccctagatg aaaatcagct gaaagatgag 660  
 50 ttttttaaac ttctgcagat ttactgtgg ggaaataagt gtgatctgtc tctctcaggt 720  
 ggagaaagta gttctcagaa taccaatgta ctaaattcat tggaagacct aaaacctttc 780  
 attttattga atgatatgga acatctttgg tcattgctta gcaattgcaa gaaaacaaga 840  
 gaaaaagctt ctgctactag agtgatatatt gttctcgata attctggatt tgagcttggt 900  
 acagatttaa tattagccga cttcttggtt tcctctgaac tggctactga ggttcatttt 960  
 55 tatggaaaaa caattccatg gtttgtttct gatactacta tacatgattt taattgggtt 1020  
 attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactgggaa 1080  
 gagtatatta aatgggttaa atgggtttac cacaatcata tattttggac tctgcctcat 1140



```

gagtactgtg caatgcctca ggttgacact gacttatatg ctgaactaca gaaggcacat1200
ttaattttat tcaaggggtga tttgaattac aggaagtga caggtgacag aaaatgggag1260
ttttctgttc cttttcatca ggctctgaat ggcttccatc ctgcaccact ctgtaccata1320
5 agaacattaa aagctgaat tcaggttggc ctgcagcctg ggcaagggga acagctcctg1380
gcctctgagc ccagctggg gaccactgga aaatatggaa tatttcagta cgatgggcc1440
ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctgggtgagca ccttttcac1500
cccagaaaag gagcacgtga attgagtcgc ctggcggtc tgtacgcgct cagggaagct1560
tagcttcttg gtgccatct acgtgactg gatgattttt ctttgaaca ttttgccca1620
ctacactgtt tttggggata gctgggttaa gcaagttaa gatatttac tttatattg1680
10 agattttaag caactttttt ttcagggtaa atatataatt tcaaagtgc tttaaatgga1740
ccttaatttt gaagtggga gggccaaaa ataaaggag ggctccttg aggtaggtac1800
ccttggcctt tcctaaaaag ccctcaatg ggatttagat ccgggggggt ggggttattt1860
tccttgggtt ggccatgaaa atccttgga cgggttatg cccttttgaa aaggggggt1920
15 ttt

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 20 (A) LÄNGE: 706 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

40 cattttacga caggcgggat tgttttgtgg ctgtcagctt tctccgtggc ctgagtttgt 60
ggctgcattt ttatctctgg tggctctgct acggcggcgc agaaatgagg cagaagcgga120
aaggagatct cagccctgct gagctgatga tgctgactat aggagatgtt attaaacaac180
tgattgaagc ccacgagcag gggaaagaca tcgatctaaa taaggtgaaa accaagacag240
45 ctgccaaata tggcctttct gcccagcccc gcctgggtga tatcattgct gccgtccctc300
ctcagtatcg caaggtcttg atgcccaggt taaaggcgaa acccatcaga actgctagt360
ggattgctgt cgtggctgtg atgtgcaaac ccacagatg tccacacatc agttttacag420
gaaatatatg tgtatactgc cctgggtggac ctgattctga ttttgagtat tccaccag480
cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggaccctttt540
50 ccttacagga caaggacacc ggattaggaa cagtttaaaa caagttgggt tcgtagtggt600
gggttaagtg ggagtttgtt tgtggatggg gtgggaactt tttggggccg ttccagagga660
ttacagagtt atttttattt cggaagttta cgtgatgggt tttccg 706

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 749 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
15 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gacctatcct catctgtgca aggaggagt gccaactctg gagcccaggc tgttgcttcc 60  
tggtctggtg gtgaatcctc catagtctgg tgagttagt gcccaactct ggagcccagg120  
atgttgcttc ccggtctggt ggtgaatcct ccatagtctg gagatctcag ccctgctgag180  
25 ctgatgatgc tgactatagg agatgttatt aaacaactga ttgaagccca cgagcagggg240  
aaagacatcg atctaaataa ggtgaaaacc aagacagctg ccaaatatgg cctttctgcc300  
cagccccgcc tgggtgatat cattgcttgc cgtccctcct cagtatcgca aggtcttgat360  
gcccaagtta aaggcgaac ccatcagaac tgctagtggg attgctgtcg tggctgtgat420  
gtgcaaacc cacagatgtc cacacatcag ttttacagga aatatatgtg tatactgcc480  
30 tgggtgggac ctgattctga ttttgagtat tccaccagc cttacactgg gctatgagcc540  
aacctccatg aggagctatt ccgtgccaga tatggaccct tttccttaca ggacaaggac600  
accggattag gaacagtta aaacaagtgg gggttcgtag gtgggggtta gtggggagtt660  
gtttgtggat ggggtgggaa ctttttgggg ccgttcaga ggattacaga gttattttta720  
tttcggaagt ttacgtgat ggttttccg 749

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 857 Basenpaare  
40 (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

accttaccaa ggggagaaaa aaacctcca ctttggctca ctgtgggttt ggcactaaga 60  
ggcacgatat ctgaaggagg tcattccagt tttaaaagta cggacagtgc tgttgggaact120  
gaccacaaaa atgtattgtt aaaaaaaat tgaaaaccag cagtgatttg ggtccccctg180  
10 aaacctctgt gaatcggagg tgggccagg aggggtcagg acgcagcaga aatagtcca240  
gaaaggagag acgggtcatg cagcgggctt gtgctttttt gtgtgtgttt gtgtgtttta300  
caccatacat ctccaaatga agtatattt aacaattgta gtgtaagcct gtgataaaat360  
agcacaaggg ttctttaaag aagttcactt ttaaggcatc agaaaagtta atgtggcaaa420  
cattttaatt aaaacatcag aagtaaatTT tattttaaac tttaggcctc tgaatttttc480  
15 cagtaaacac agttcagcta tgtggcaaa gtcattgggtg gcatctaaaa tgacttttta540  
cattctacaa aaaaaataaa taaaataagg acacagcccc aaacgggtgc acctcttcgc600  
ggccgctcca catgcacaga atctactagg atttgtcacg gccgggtggc acccgatttg660  
ttttgactat acaacaaact ttttttcaa aagtatttgt tcaggataac tttaaaaata720  
atataaaaat aaacaatgga tttgactttt ccctcaaaat tgaaaagaaa ggggtggggg780  
20 gaggtgttaa ccattggcct tttttttttt ggaggggcc cattgggatt gtaaggccct840  
ggggttcagg cctttcc 857

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 268 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

ccgcgcccgg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggt aagagctgcc 60  
ttcatcccat acagagaata caatggtgct agactaagta gagattttat ttcagcttaa120  
agattctgtt tgatgtctga aattacatgt ttaggcggca tggggaacag gactgttctt180  
50 tagcatcagt ttcacaatta ctttaatcta ctaggtttca ttcaccttat aattctgaaa240  
tttcatcagc agtggggaac agaaaagg 268

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 297 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

```
ctgatgtgca ctctaggtaa gtaaccattt ttgtgaaaaa tttagagaaa ttctttgagc 60
agcttccact gaaacactaa aacccaatag ggccaaaggc ccataacctg aggaaacctt120
atttattgct taatccaaca taggctatga aagttttgag ttctctcttg tgtattagaa180
tttcattcct atttggtgta gagagtatag tacggggaat cagtaaatta aatgaagtaa240
actaaagatt acacctttgc tgctggcact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 590 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

acgggtcaaaa tgataactca tgtattttat tccaacaaca ttgggtttat aaaggaatac 60
aaacaggcac aaaacatggt tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag120
atacacttag cagtcaaaaca gttgaatatt cattgctacc tcattaaagt tttgtatct180
5 gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaatgt tcagagagct240
gtatgttctt tgttctdgta tgtacatttt aaaaaaacac ctctttccag tcttgctaac300
caagaatatt agtcataata aagaacttag aatttttttc cccaagtaca agctatcttt360
tgctccaaaa cagttctgaa ggttttattt atattttatc ttatcccagag ggaccaacag420
caggcatacc tttgccaggc cttcttgagc aaagacacag agccgtaaaag gcaaaaataa480
10 aattgcaata aagtatatgg tattgggggc agggagaacc agaaaccctc aaggggacca540
attttagca cgttcttttt ttaggggtta ccctgtggag taagaactag 590

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggetgc ctcgctggtc cgaattcggt ggcgccacgt 60
ccgcccgtct ccgccttctg catcgcggtt tcggcggtt ccacctagac acctaacagt 120
40 cgcggagccg gccgcgtcgt gagggggtcg gcacggggag tcggcggtc ttgtgcatct 180
tggtacctg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atccggcgca 240
tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcggcaaa ctcggcctca 300
tcagcccggc ctacctcttc ctctggcccg aagccttctt ttatcgcttt cagatttggg 360
ggccaatcac tgccaccttt tatttccctg tgggtccagg aactggattt ctttatttgg 420
45 tcaatttata tttcttatat cagtattcta cgcgacttga aacaggagct tttgatggga 480
ggccagcaga ctatttattc atgctcctct ttaactggat ttgcatcgtg attactggct 540
tagcaatgga tatgcagttg ctgatgatc ctctgatcat gtcagtactt tatgtctggg 600
cccagctgaa cagagacatg attgtatcat tttggtttgg aacacgattt aaggcctgct 660
atttaccctg ggttatcctt ggattcaact atatcatcgg aggcctcggt atcaatgagc 720
50 ttattggaaa tctggttggg catctttatt ttttcctaag gttcagatac ccaatggact 780
tgggagggaag aaattttcta tccacacctc agtttttgta ccgctggctg cccagttaga 840
gaggaggagt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900
atggcggagg cgggagacac aactggggcc agggctttcg acttgagac cagtgaaggg 960
gcggcctcgg gcagccgctc ctctcaagcc acatttctc ccagtgtctg gtgcgcttaa1020
55 caactgcgtt ctggctaaca ctgttgagcc tgaccacac tgaatgtagt ctttcagtac1080
gagacaaagt ttcttaaate ccgaagaaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct1140

```

```

cattcaagtc cttactgctg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaattgc aaaactgact1200
acattttttg gtgtcttctc ttctcccctt tccgtctgaa taatgggttt tagcgggtcc1260
tagtctgctg gcattgagct ggggctgggt caccaaaccc ttcccaaaag gacccttatc1320
tctttcttgc acacatgcct ctctcccact tttcccaacc cccacatttg caactagaag1380
5 aggttgccca taaaattgct ctgcccttga caggttctgt tatttattga cttttgccaal440
ggcttggtca caacaatcat attcacgtaa ttttcccctt ttggtggcag aactgtagca1500
atagggggag aagacaagca gcgatgaag cgttttctca gcttttggaa ttgcttcgac1560
ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccacttc ttcagatatt tttataaaaa agtaccactg1620
agtcagttag ggccacagat tggattaat gagatacgag ggttggtgct ggggtgttgt1680
10 tccgagtaag tgagaagggt agtgattga ctac 1714

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 30 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

ctcgagccgc tcgagccgaa tcggctcgag ctgaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60
agtgaggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggtcctgga gtcccacctg 120
gcggagaagg ggagaggcat ggagctatcc gacctgattg ttttcaatgg gaaactctac 180
40 tccgtggatg accggacggg ggtcgtctac cagatcgaag gcagcaaagc cgtgccctgg 240
gtgattctgt ccgacggcga cggcaccgtg gagaaaggct tcaaggccga atggctggca 300
gtgaaggacg agcgtctgta cgtgggcggc ctgggcaagg agtggacgac cactacgggt 360
gatgtggtga acgagaaccc ggagtgggtg aagggtggtg gctacaaggg cagcgtggac 420
cacgagaact ggggtgtcaa ctacaacgcc ctgctgggctg ctgccggcat ccagccgcca 480
45 ggtaacctca tccatgagtc tgcctgctgg agtgacacgc tgcagcgtg gttcttctctg 540
ccgcgcgcgc ccagccagga gcgtacagc gaggaaggac gacgagcgca agggcgccaa 600
cctgctgctg agcgcctccc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacg tcggggcggt 660
ggtccccact cacggcttct cgtccttcaa gttcatcccc aacaccgacg accagatcat 720
tgtggccctc aaatccgagg aggacagcgg cagagtcgcc tcctacatca tggccttcac 780
50 gctggacggg cgcttctgtg tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggcat 840
cgagtccatt taactcaaaa cggaaacact gagcaaggcc atcaggactc agcttttata 900
aaaacaagag gagtgcactt ttgtttgtt ttgttctttt tggaactgtg cctgggttgg 960
aggtctggac agggagccca gtcccgggce ccatagtggg gcgggcactg gacccccggg1020
ccccacggag gccgcggtct gaactgcttt ccatgctgcc atctggtggg gatttcgggtc1080
55 acttcaggca ttgactcaag gcctgcctaa ctggctgggt cgtttcttcc atccgacctc1140
gtttcttttc tttcctatgt tcttttgttc agtgaatatc cctagagctc ctaccatag1200
tcaggcccta tgcctcaccg tgagaacgca gtaagcatga aggtggacct ggtttgctgg1260

```

gaacccgagg gctaaccccc tttttcttcc caaatttggt gccttggaag aatcagggtcc1320  
agccctgaag atccttgggg 1340

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 765 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

caggattgaa acaagatggc gggttcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaattggta 60  
tgcttagaag cagattctaa aagcagtttc tcttcagaac atcttttttc ataccacttg120  
30 ataagcatct tgaaacacca tggctgtagc tgcagtaaaa tgggtgatgt caaagagaac180  
tatcttgaaa catatttttc cagtccaaaa tggagcttta tattgtgttt gtcataaatc240  
tacgtattct cctctaccag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga300  
tggcaggaca atagtatgct accacccttc tgtggacatt ccatatgaac acacaaaacc360  
tatccctcgg ccagatcctg tgcataataa tgaagaaaca catgatcaag tgctgaaaac420  
35 cagattggaa gaaaaagttg aacaccttga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa480  
aatgttcttt actactaagc accgttggtg tcctcatgga cggatcacca gatgtcgtaa540  
gaatctgaat cctccaaaag acagatgatg cggaggttcc tgggggaatc aaagagaaat600  
gtgcctcatt tgccatttga gaaaatgcag tctggtgtat tcagtaatat atagtaaagt660  
aataatgata aaatatcttt tcatatatta gaatgtgtac ttttaataa agtaattctg720  
40 gatttgacat tctcatttag ggggacctat tccttttttc gtttt 765

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1647 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

```

gcagccggag taagatggcg gcgctgaggg ctttgtgcgg cttccggggc gtcgcggccc 60
aggtgctcg gacctgggct ggagtcgat tgccgattca gccagcaga ggtgttcggc 120
15 agtggcagcc agatgtggaa tgggcacagc agtttggggg agctgttatg tacccaagca 180
aagaaacagc ccactggaag cctccacctt ggaatgatgt ggaccctcca aaggacacaa 240
ttgtgaagaa cattaqcctg aactttgggc cccaacaccc agcagcgcat ggtgtcctgc 300
gactagtgat ggaattgagt ggggagatgg tgcggaagtg tgatcctcac atcgggctcc 360
tgcaccgagg cactgagaag ctcatgaat acaagaccta tcttcaggcc ctccatact 420
20 ttgaccggct agactatgtg tccatgatgt gtaacgaaca ggctattct ctagctgtgg 480
agaagtgtct aaacatccgg cctcctcctc gggcacagtg gatccgagtg ctgtttggag 540
aaatcacacg ttgtttgaac cacatcatgg ctgtgaccac acatgccctg gaccttgggg 600
ccatgacccc ttcttcttgg ctgtttgaag aaaggagaa gatgtttgag ttctacgagc 660
gagtgtcttg agcccgaatg catgctgctt atatccggcc aggaggagtg caccaggacc 720
25 tacccttggt gcttatggat gacatttatc agttttctaa gaacttctct cttcggttg 780
atgagttgga ggagttgctg accaacaata ggactcggcg aaatcggaca attgacattg 840
gggttgtaac agcagaagaa gcacttaact atggttttag tggagtgatg cttcggggct 900
caggcatcca gtgggacctg cggaagaccc agccctatga tgtttacgac caggttgagt 960
ttgatgttcc tgttggttct cgaggggact gctatgatag gtacctgtgc cgggtggagg 1020
30 agatgcgcca gtccctgaga attatcgcac agtgtctaaa caagatgcct cctggggaga 1080
tcaaggttga tgatgcaaaa gtgtctccac ctaagcgagc agagatgaag acttccatgg 1140
agtcactgat tcatcacttt aagttgtata ctgagggcta ccaagttcct ccaggagcca 1200
catatactgc cattgaggct cccaaggagg agtttggggg gtacctggtg tctgatggca 1260
gcagccggcc ttatcgatgc aagatcaagg ctccctggtt tgcccatctg gctggtttgg 1320
35 acaagatgtc taaggacac atgttggcag atgtcgttgc catcataggt acccaagata 1380
ttgtatttgg agaagtagat cgggtgagcag gggagcagcg tttgatcccc cctgcctatc 1440
agcttcttct gtggagcctg ttctcactg gaaattggcc tctgtgtgtg tgtgtgtgtg 1500
tgtgtgtgtg tgtgtgtatg ttcatgtaca cttggctgtc aggctttctg tgcatgtact 1560
aaaaaaggag aaattataat aaattagccg tcttgcgccc ctaggcctaa aaaaaaaaaa 1620
40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1647

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1166 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

10

```

cgccgcctgc gcggggggga gccagcaca gaccgcccgc gggaccccga gtcgcgcacc 60
ccagcdccac cgcccacccc gcgcgccatg gaccccaagg accgcaagaa gatccagttc 120
tcgggtgcccg cgccccctag ccagctcgac ccccgccagg tggagatgat ccggcgagg 180
agaccaacgc ctgccatgct gttccggctc tcagagcact cctcaccaga ggaggaagcc 240
15 tccccccacc agagagcctc aggagagggg caccatctca agtcgaagag acccaacccc 300
tgtgcctaca caccaccttc gctgaaagct gtgcagcgca ttgctgagtc tcacctgcag 360
tctatcagca atttgaatga gaaccaggcc tcagaggagg aggatgagct gggggagctt 420
cgggagctgg gttatccaag agaggaagat gaggaggaag aggaggatgc agccaggctg 480
aagtcctgaa ggtcatcagg cagtctgctg ggcaaaagac aacctgtggc cagggtctgg 540
20 aagggccctg ggagcgccca cccctctggt atgagtcgga gagagatgga ggctctgagg 600
accaagtgga agaccagca ctaagtgaac ctggggagga acctcagcgc ccttccccct 660
ctgagcctgg cacataggca cccagcctgc atctcccagg aggaagtgga ggggacatcg 720
ctgttcccca gaaaccact ctatcctcac cctgttttgt gctcttcccc tcgcctgcta 780
gggctgcggc ttctgacttc tagaagacta aggctgggtc gtgtttgctt gtttgccac 840
25 ctttggtgta taccagaga acctgggcac ttgctgcctg atgccacccc ctgccagtca 900
ttcctccatt caccagcgg gaggtgggat gtgagacagc ccacattgga aaatccagaa 960
aaccgggaac agggatttgc ccttcacaat tctactcccc agatcctctc ccctggacac 1020
aggagacca cagggcagga ccctaagatc tggggaaagg aggtcctgag aaccttgagg 1080
tacccttaga tccttttcta cccactttcc tatggaggat tccaagtcaa catttgctgt 1140
30 aacggcttgt aacagggttc aggttg 1166

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 487 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

ctcagatcgg tggacgtgct cgcctccact cggggccagg tctatgtccc gggttcccgc 60
agtgcggggc agggcgccaa ggcggcagga ggagggtgag cggtaagag acctccagga120
agagcggtc tcggctgttt gcatcgccga tagagaagag aaaggatgca cgtcccagga180
5 gggaggaact actccaactt ttcctattca gaaacaaaga aaaaagatta ttcaagctgt240
gagggacaat tcattcctta ttgttactgg aaatacagga agtggtaaaa caactcaact300
ccaaaatat ctatagaag cagggttttc acaacatggt atgattggtg taactcaacc360
acgaaaagta gctgctatat cagttgctca gagagtagct gaagaaatga aatgcacttt420
gggatccaaa gtaggatacc aagttcgttt tgatgattgc agttctaagg agacagcaat480
10 caaatat 487

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

35 aaactgtgta atgccccatg taatccataa aattttaact tttccccta acgtttttgc 60
tgaaaaatgt tgggaaaccc tcaacacgcc ttcttgaaaa caattaaaat acttgaaacc 120
tgtgaacctt tcaaaaaacc ctcaggttgg gaaaagaccc ccaaaccctc ttttaaggat 180
catttgtctc gcccatcaca ggatcttggg aatgtttccc tagggtgtgt aaaaattaac 240
40 ccagggggga atgaagcaca tttttctggc aaccaaactt gagttcctca gagaacagat 300
gcagagagac ctgctcctgc ttgcccggct acaggggcca ctgtggagtc aactgaggc 360
tgtgaccggc cataagccca ggagagcccg tggcagctgt gccgaggcgc caggacctct 420
aagcggaagc ttcccaagct aggaatggag caa'cactgca atgaaatgtg tccaccaagc 480
tcattgttcc tcccgggtgc ttataaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaatata 540
45 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctacacaggca taagacacaa 600
attatatatt gttatgaagc actttttacc aacggtcagt ttttacattt tatagctgcg 660
tgcgaaaggc ttccagatgg gagacccatc tctcttgtgc tccagacttc atcacaggct 720
gctttttatc aaaaagggga aaactcatgc ctttcccttt taaaaaatgc ttttttgtat 780
ttgtccatac gtcactatac atctgagctt tataagcgcc cgggaggaac aatgagcttg 840
50 gtggacacat ttcattgcag tggtgtctca ttctagctt gggaagcttc cgcttagagg 900
tcttgccgcc tcggcacagc tgccacgggc tctcctgggc ttatggccgg tcacagcctc 960
agtgtgactc cacagtggcc cctgtagccg ggcaagcagg agcaggctct tctgcatctg1020
ttctctgagg aactcaagtt tgggtgccag aaaaatgtgc ttcattcccc cctggttaat1080
ttttacacac cctaggaaac atttccaaga tcctgtgatg gcgagacaaa tgatccttaa1140
55 agaagggtgt gggcttttcc caacctgagg atttctgaaa ggttcacagg ttcaatattt1200
aatgcttcag aagcatgtga ggttcccaac actgtcagca aaaaccttag gagaaaaact1260

```

```

aaaaatatat gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaagggal320
aaaccttcaa agcatgtttc tttccctcac cacaacagaa catgcagtac taaagcaatal380
tattttgtgat tccccatgta attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct1440
aagatgacca tgcgcctttt cctctgtaca tataccctta agaacgcccc ctccacacac1500
5  tgccccccag tatatgcccgc attgtactgc tgtgttatat gctatgtaca tgtcagaaac1560
cattagcatt gcatgcaggc ttcattattct ttctaagatg gaaagtaata aaatatattt1620
gaaatgtacc                                     1630

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1272 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

tgcgcgcgag cccgtgtccc cacggcgggc agcagcggcg gcggcggcgg ctgaacgcgg 60
agggggcgga gggagcccg ggcggcgga gcagctacag cgaaatggcg gagaccgtgg 120
35 ctgacacccg ggggctgat accaagccgc agaacctgaa tgacgcctac ggacccccca 180
gcaacttctt cgagatcgat gtgagcaacc cgcaaacggg gggggtcggc cggggccgct 240
tcaccactta cgaaatcagg gtcaagacaa atcttcctat tttcaagctg aaagaatcta 300
ctgttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcgaag tgaattagaa agagagagca 360
aggtcgtagt tccccgctc cctgggaaag cgtttttgcg tcagttcctt ttagaggaga 420
40 tgatggaata tttgatgaca attttattga ggaaagaaaa caagggctgg agcagtttat 480
aaacaaggtc gctggtcac ctcgggcaca gaacgaacgt tgtcttcaca tgtttttaca 540
agatgaaata atagataaaa gctatactcc atctaaaata agacatgcct gaaatttggc 600
aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaaact 660
tttagcatgt tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tatactaaca ctcatatgct 720
45 cagttttgtt ctgttttggc agttgacaag aagttaattt gcttttagtaa aaatccctca 780
ttccagcctt tctatataaa tagctctttc ttgctgtttt aatgtggtgc acactatagc 840
ctcacaaacc tgttattcca gtgtaactcg cagtgtcgta actaaagtta ctggcttggt 900
cttatttgca cagtttttgc gtcttgggtg ctcttgcatt ctgattaaact agaattttc 960
tctttcccc ttttaatttg tgatgtcact tgacccatt tatgtgtagg agcactacac1020
50 cattggttt caatactgca cacataagat acatacttgt gtgcagaaag tatcttctct1080
caggcttgta atacccttca catggaagat taatgaggga aatctttata ttctgtataa1140
aaacaaaagc aaatttatat actaaaatca tttgtctaaa aatttaagtt gttttcaaat1200
aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaga aaaaaagagg1260
55 ggcggccgct ct                                     1272

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

```

25  tgcagcgcgt gcgctgctgcg ctactgagca ggcgcatgga ggactctgaa gcactgggct 60
    tcgaacacat gggcctcgat ccccggtccc ttcaggctgt caccgatctg ggctggctgc 120
    gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaagggaag gacctcctgg 180
    ctcgggcccg cacgggctcc gggaagacgg ccgcttatgc tattccgatg ctgcagctgt 240
    tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtgg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300
30  ttctaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgat tcagcagctg gctacctact 360
    gtgctcggga tgtccgagtg gccaatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag 420
    ctgtgctgat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgata ttaagccact 480
    tgcagcaaga cagcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttggtggtg gacgaagctg 540
    accttctttt ttcttttggc ttggaagaag agtcaagag tctcctctgg gaaggcagag 600
35  tcacttgccc cggatttacc aggttttctc atgtcagct actttaacg aggcagctaca 660
    agcactcaag gagctgatat tacataaccc ggttaccctt aagttacagg agtcccagct 720
    gcctgggcca gaccagttac agcagtttca ggtggtctgt gagactgagg aagacaaatt 780
    cctcctgctg tatgccctgc tcaagctgtc attgattcgg ggcaagtctc tgctctttgt 840
    caacactcta gaacggagtt accggtctacg cctgttcttg gaacagttca gcatccccac 900
40  ctgtgtgctc aatggagagc ttccactgcg ctccagggtc cacatcatct cacagttcaa 960
    ccaaggcttc tacgactgtg tcatagcaac tgatgctgaa gtcctggggg cccagtcga1020
    gggcaagcgt cggggccgag ggcccaaagg ggacaaggcc tctgatccgg aagcaggtgt1080
    ggcccggggc atagacttcc accatgtgtc tgctgtgctc aactttgatc ttcccccaac1140
    ccctgaggcc tacatccatc gagctggcag gacágcacgc gctaacaacc caggcatagt1200
45  cttaaccttt gtgcttccca cggagcagtt ccacttaggc aagattgagg agcttctcag1260
    tggagagaac aggggccccca ttctgctccc ctaccagttc cggatggagg agatcgagg1320
    cttccgctat cgctgcaggg atgccatgcg ctcagtgaact aagcaggcca ttcgggaggc1380
    aagattgaag gagatcaagg aagagcttct gcattctgag aagcttaaga catactttga1440
    agacaacctt agggacctcc agctgctgcg gcatgacctt cctttgcacc ccgcagtggt1500
50  gaagccccac ctgggccaatg ttcttgacta cctggttctt cctgctctcc gtggcctggt1560
    acgcccctac aagaagcgga agaagctgtc ttctcttctt aggaaggcca agagagcaaa1620
    gtcccagaac ccactgcgca gcttcaagca caaaggaaag aaattcagac ccacagccaa1680
    gccctcctga ggttgttggg cctctctgga gctgagcaca ttgtggagca caggcttaca1740
    cccttcgttg acaggcgagg ctctggtgct tactgcacag cctgaacaga cagttctggg1800
55  gccggcagtg ctgggccctt tagctccttg gcacttccaa gctggcatct tgccccttga1860
    caacagaata aaaattttag ctgccccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1914

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 5 (A) LÄNGE: 608 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

25 aatggaacca ggaattctta attaagcccg aagttcccaa gtctccttag cggaaccgg 60  
 aaattgcccc aggaaagcaa agaggagat gaccagtgat acctccagtg ccagagggtca120  
 ctttgtggag ccaaatgctg gacatgggca gtcgagactc ggcatcttct gtcccccgca180  
 ttaatgactc tcaggaagga ggatgtaatt caaggcaagt ttctaattcc gaagctgcct240  
 30 gttcatgtta acaggacttc tttttattcg tcaagatgta ctgggtccct ggcaccttaa300  
 gggaaatcct gataaaggca aacctgttga gccatttggg cccataggat cccaggaccc360  
 aagtcctgtg tttcatcggt actaccatgt gttccgtgag ggagaactgg aaggtgcctg420  
 caggactgtg agtgatgtca gaattctgca aagctactac gatcaaggaa actggtgtgt480  
 gattcttcaa aaggcctgat tatttacctg aacacatcat atataaagaa gaaatgctca540  
 35 cttaaaaaaa aaagaggga taaattaatt acccgtttaa ttaaagagaa aacttggtgg600  
 gaagtacc 608

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2674 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```
10 tgaagagaag ttaagggtgaa gaggccgaaga gcctgatgcg tgatgagcgt ctaagaaagg 60
   agaagcaaga gcagagaaga gagagagaaa gaacgggaga gagaaaggga agaaagagaa 120
   aggaaaagac gaagggaaga ggaagaaaga gaaaaagaaa gggctcgtga cagagaaaga 180
   agaaagagaa gtcgttcacg aagtagacac tcaagccgaa catcagacag aagatgcagc 240
   aggtctcggg accacaaaag gtcacgaagt agagaaagaa ggcggagcag aagtagagat 300
15 cgacgaagaa gcagaagcca tgatogatca gaaagaaaac acagatctcg aagtcgggat 360
   cgaagaagat caaaaagccg ggatcgaag tcatataagc acaggagcaa aagtcgggac 420
   agagaacaag atagaaaatc caaggagaaa gaaaagaggg gatctgatga taaaaaaagt 480
   agtgtgaagt ccggtagtgc agaaaagcag agtgaagaca caaacactga atcgaaggaa 540
   agtgatacta agaattgaggt caatgggacc agtgaagaca ttaaatctga aggtgacact 600
20 cagtccaatt aaaactgac tgataagacc tcagatcaga cagaggtaa tgtattgttt 660
   ctcactttga ttagggcttt ttgttactgt ttgacagtgc agcgtaaagta tgcacagatg 720
   aagatggaac taagccgagt aagaagacat acaaagccct cttctgaagg aaaagacagt 780
   gtagtcctgc aaaaacatttt gaggtacatt gttttgtctc agctattttg tagcagactc 840
   gtgcccccat tagtgtgcct ctttggaatc tatcgccac atttgtaata tagtcgccat 900
25 tgaaaagtta attatccttt ttttagggat ttgatgtca tttctttttt ttttttaata 960
   aaaagggtga actgtttttt tttttctttt tggattaaag tccatcttgt gttggtacat 1020
   tggcagagac atatgcttta aaaacttaaa tatttcggag gcacatgttg gactactttg 1080
   ttttaattaa actgctagta tttctttgtc aaggatgttt ctagtttttt gctttattgc 1140
   cttgcattct aatgcagttt gttctgtaac tcgagagcca gtagcattgg attgatggaal 1200
30 gtgtagggtt tatgaattat tgcagctgac taccatacct cacacagcgt tgggtgtgtg 1260
   agcggcccat gaaaagccaa attaaaaatc aaggattcag tcaaaactaag caggtactca 1320
   tgccaggtac tcctttctct acccacatcc atgtttgaat gctattgcct gtgactctta 1380
   cgcttaactg ttgtgtatct tttttgttct ttacaagaag tgcagagggg tttttgtgt 1440
   attgcgtgaa aacttataaa acaaatgtta acagaatgga attttttttc aactgtatgt 1500
35 agggctgcag tgggtggccag aattagatat ctttaaagaa ttttaaatac aataaacact 1560
   tcatattatt cgcttggtta cactcaatgc aattctcaag tctataagag gtatgtgctt 1620
   aatatttcct actgtgtagg agaatttgca gtcagccata ggtatgtagg aatagtact 1680
   cactggctga tacatttaaa gcagcagtgat gaatagcaag gacagacacc ttcaattgt 1740
   gaaatcaaag aactgatgca ctatatagaa cgaatttggg tttttaaaga aatattaaaa 1800
40 gttaggtact gtaagtgttc ttaaaacctg taaacttcat tctgtgggct agtgggtgtg 1860
   gacaaaatat tcctaataaa aggaagtacc aattagttga tttgttgggt gcattcccct 1920
   tttgggaaag caatgtaagg ttatgtctgt gtatgtcatt cacacttagg caagcataca 1980
   caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa ttaaaaagaa tacaagcatt 2040
   ccatgtacac atgttaatta gcagttagt actgggcaa cactttctca taaaaattg 2100
45 ccttttacat gttgtctaata tatcattttt ccccaaattt tgcgttgtag gactactgt 2160
   cgaagatttt tggaagaata ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat ttaaaaaat 2220
   aggtgaaaga aagctatagt ggcatagaaa aagtataaag ctcagttagt tttttatta 2280
   ttattattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgaccta ccagatttca gaacatgtgt 2340
   taatagtata tatgccactg aaaaacttag tcctgtatca tacttttttc ttttaagact 2400
50 ttaagaaat attacttaaa catgtggctt gctcagtggt taattgcaag ttttcaatct 2460
   tggactttga aaacaggatt aaacgtaggt attcgtgtga atcagactaa gtgggatttc 2520
   atttttacia ctctgctcta cttagccttt ggatttagaa gtaaaaaata agtatctctg 2580
   actttctgtt acaagttga ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatctttttc 2640
   taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa 2674
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 326 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

25

```
gacaaatgag gggttggcat gcagctcgtc atcttaagag ttactatctt cttgccctgg 60
tggttcgceg ttccattgcc ccctgctgca gaccataaag gatgggactt tggtgagggc120
tatttccatc aatttttcct gaccgagaag gagtcgccac tccttaccca ggagacacaa180
acacagctcc tgcaacaatt ccatcggaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat240
gcttctgcta cagcagcccc actgtggggg gcctgatggg tccgacaact gcctctcgcc300
aggaagatgc aagtggatta agcaca                                     326
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

```

ctcgtgcggt gatgttgagc agaagataca attcaaaaga gaaacagcca gtttgaaact 60
gttaccacac cagccccgaa ttgtggagat gaagaaagga agcaatggct atggtttcta120
tctgagggca ggctcagaac agaaaggtca aatcatcaag gacatagatt ctggaagtcc180
5 agcagaggag gctggcttga agaacaatga tctggtagtt gctgtcaacg gcgagtctgt240
ggaaaccctg gatcatgaca gtgtggtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
actgttggtg gtagacaaag agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
tctctactat caaagtcaag aactgcccac tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
tcccacttct ctggaagtct caagtccacc agatactaca gaggaagtag atcataagcc480
10 taaactctgc aggtcggtc aaggtgaaaa tggctatggc tttcacttaa atgcgattcg540
gggtctgcca ggctcattca tcaaagaggc acagaagggc ggtcctgctg acttggtgg600
gctagaggat gaggatgtca tcattggaag gaatggggtg aatgtgctag atgaacccta660
tgagaagggtg gtggatagaa tccagagcag tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
aaagaaggcc tatgattatt tccaagccta agaaaatccc tattgttccc tgcctggctg780
15 atgccagttg acagccctgc aggttctaaa gaagggaatag tgggtggagtc aaaccatgac840
tcgcacatgg caaaagaacg ggcggtatt gcagacggct aatttatg 888

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

45

```

atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attatttcca cctttggaca 60
cgacagttag cgcataattt tcaactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacga120
acatcaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaatttctat gtttgaaaaa180
gggaaggtag ctaagattgt ca 202

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

50

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel



## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

20  ggccggtgga ggccgcggtt gcggcacgga aggggaagcg ctgaggcggt ggggccca 60
    gccatggcgg agctgttgca ggaggagctc tcggtcctgg ccgcgatttt ctgcaggccc 120
    cacgagtggg aggtgctgag ccgctcagag acagatggga ccgtgttcag aattcacaca 180
    aaagctgaag gatttatgga tgcggatata cctctggaat tgggtgtcca ttgccagtc 240
    aattatcctt catgtctacc tggatatctg attaactctg aacagttgac cagggccag 300
    tgtgtgactg tgaaagagaa gttacttgag caagcagaga gccttttgc ggagcctatg 360
25  gttcatgagc tggttctctg gattcagcag aatctcaggc atactctcag ccaaccagaa 420
    actggcagtg gcagtgaaaa gtgtactttt tcaacaagca cgaccatgga tgatggattg 480
    tggataactc ttttgcattt agatcacatg agagcaaaga ctaaatatgt caaaattgtg 540
    gagaagtggg cttcagattt aaggctgaca ggaagactga tgttcatggg taaaataata 600
    cttgatttta ctacaggagg acagaaacaa cctcaagggtg tacttgattc ttcagaaaac 660
30  ctccaaagta gatgtggact caagtggaaa gaaatgcaaa gagaaaatga ttagtgtact 720
    gtttgaaaca aaagtacaga cagaacacaa aaggtttctg gcatttgaag tcaaagagta 780
    ttcagcgttg gatgaattac aaaaggaatt tgaaactgca ggacttaaga agcttttctc 840
    cgaatttgta cttgctctgg taaaatgaaa tgggaagacag gaatctttta gtaaaatagc 900
    agtgtttttt gttgtttttg cattggattt ggggagtggg taattgaaat agtcaatttt 960
35  aaagtttctc tgaagcaaaa tgataggcat cattctaact tcaggaacaa aagccagttc 1020
    tgttttatga aatattaaac atgaagaaaa cttgtatatt ctaatgtttg ccaggaaagg 1080
    ctaggttcag tagatgagac attattttaa agataaattt aaaaagatgg taaatgaaca 1140
    cttgttttta tagacaatat ttgtttgaaa ctatgtaatt ttctggctaa ttttcttgta 1200
    attaatgat tttttaaaaa aagaa 1225
40

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```
10 gagggcgggc ctgtttccgg ggagggcggt ggggcttgag gccgagaacg gcccttgctg 60
   ccaccaacat ggagactttg taccgtgtcc cgttcttagt gtcggaatgt cccaacctga 120
   agctgaagaa gccgccctgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctggtgg 180
   tgggtgtctta cttcctcatc accggaggaa taatttatga tgttattgtt gaacctccaa 240
15 gtgtcggttc tatgactgat gaacatgggc atcagaggcc agtagctttc ttggcctaca 300
   gagtaaatgg acaatatatt atggaaggac ttgcatccag cttcctattt acaatgggag 360
   gtttaggttt cataatcctg gaccgatcga atgcaccaa tatcccaaaa ctcaatagat 420
   tccttcttct gttcattgga ttcgtctgtg tcctattgag ttttttcatg gctagagtat 480
   tcatgagaat gaaactgccg ggctatctga tgggttagag tgcctttgag aagaaatcag 540
20 tggatactgg atttgctcct gtcaatgaag ttttaaaggc tgtaccaatc ctctaatatg 600
   aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctagtgaaaa aacaggaagc 660
   gtattgaagc ttggactaga atttcttctt ggtattaaag agacaagttt atcacagaat 720
   tttttttcct gctggcctat tgctatacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780
   tttcattaaa atatattcca tatctacaac tataatatca aataaaagtga ttatttttta 840
25 caacctcttt aacatttttt ggagatgaca tttctgattt tcagaaatta acataaaatc 900
   cagaagcaag attccgtaag ctgagaactc tggacagttg atcagcttta cctatggtgc 960
   tttgccttta actagagtgt gtgatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt1020
   cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaatac tttttctaataaaaaaaaaa1080
   aaaaaaaaaa aaa 1093
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 309 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

cacaaagtga ttgtggtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaat 60  
 tctctagggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgaga120  
 aatcgactcc aggtctttcc tgaactggaa accaatgcag tgttgatggt agatgatgac180  
 acactcatca gcaccccgaga ccttggtttt gctttctcag tttggcagca atttcctgat240  
 5 caaattgtag ggatttggtt cctagaaagc acgtctttta ctttcattca aggtatctac300  
 agttattgg 309

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 380 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

ctcatctgat cccttttatg gccaaatcat ccttcagagt agggaaact cagacattct 60  
 gtgcatgttg ttcccccaaa gcatggatc cacaagtcc tgagttctgg tgtgtgctcc120  
 cgctcctgg gtatacagag agaaggcagg aatcaggagt tccagaagca tatacatgtg180  
 35 gctaccccg caacaagcg catcctgtgc tcagataagc tgcattggtg ggaagtgtt240  
 ttctcgcac gttgaggctt agtggagatg ggcaccactg ccatttgctc agaagaaggc300  
 tggctcgtgc ctaactgcat cccacactgc ccagatcatt ctagataggt tattttctga360  
 atgtttatag atttcttata 380

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1253 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

10  ggggccccgac tccagttagg agccttgatg cgggagggga cagtgggtcg ccgagagcgc 60
    ccggaggggaa ccgcctggcc ttcggggacc aaccaattttg tctggaacca ccctcccggc 120
    gtatcctact ccctgtgccg cgaggccatc gcttcaactgg aggggtcgat ttgtgtgtag 180
    tttggtgaca agatttgcac tcacctggcc caaaccttt ttgtctcttt ggggtgaccg 240
15  aaaactccac ctcaagtttt cttttgtggg gctgcccccc aagtgtcgtt tgttttactg 300
    tagggctctc ccgcgccggcg cccccagtg tttctgaggg cggaaatggc caattcgggc 360
    ctgcagttgc tgggcttctc catggccctg ctgggctggg tgggtctggt ggcctgcacc 420
    gccatcccgc agtggcagat gagctcctat ggggtgaca acatcatcac ggccaggcc 480
    atgtacaagg ggctgtggat ggactgcgtc acgcagagca cgggatgat gagctgcaaa 540
20  atgtacgact cggtgctcgc cctgtccgcg gccttgacag ccactcgagc cctaattggtg 600
    gtctccctgg tgctgggctt cctggccatg tttgtggcca cgatgggcat gaagtgcacg 660
    cgctgtgggg gagacgacaa agtgaagaag gcccgatatg ccatgggtgg aggcataatt 720
    ttcatcgtgg caggtcttgc cgcttggtg gcttgcctct ggtatggcca tcagattgtc 780
    acagactttt ataacccttt gatccctacc aacattaagt atgagtttgg ccctgccatc 840
25  tttattggct gggcagggtc tgccctagtc atcctgggag gtgcactgct ctctgttcc 900
    tgctctggga atgagagcaa ggctgggtac cgtgcacccc gctcttacc taagtccaac 960
    tcttccaagg agtatgtgtg acctgggatc tccttgcccc agcctgacag gctatgggag 1020
    tgtctagatg cctgaaaggg cctggggctg agctcagcct gtgggcaggg tgccggacaa 1080
    aggcctcctg gtcactctgt ccctgcactc catgtatagt cctcttgggt tgggggtggg 1140
30  ggggtgccgt tggtgggaga gacaaaaaga gggagagtgt gctttttgta cagtaataaa 1200
    aaataagtat tgggaaacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1253
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 439 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgttttg tgctctgact 60
gtttgttagt atcactctca agaatgaaga gaaacctcaa ctttctgtt tccggccaac120
5 tttattgaat ttgtttttt aaatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
aathtagatc tgttctctga gtaagacttg gcgagtatgt gaaacttgac tcaagttaca240
tttctttttt tctgtccccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
atgaacattc cagtgttgtt gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaaccaa360
caagaagacc tcatgagaga ggtgggaagg actttaactc ctgtttttct ggtggtttcc420
10 ctttggttgt accttttaa
439

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1252 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear.

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

35 tggacctgcc cgacgccctg ctgcccgact tgcccgcgt ggtgggcccc aagcagctga 60
tcgtgctggg aaacaaagt gacctcctgc cccaggatgc tcctggctac cggcagaggc 120
tgccgggagc actgtgggag gactgtgccc gcgcgggct cctgctggcc cctggcacca 180
agggccacag cgccccgtca aggacgagcc acaggacggg gagaatccga atccgccgaa 240
40 ctggtcccg c acagtgggtca gggacgtgcg gctgatcagc gccaaagacc gctatggagt 300
ggaagagttg atctctgccc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggaag tctacttagt 360
gggcgccacc aacgcgggca aatccactct cttaaacacg ctctggagt ccgattactg 420
cactgccaa g ggtccgagg ccatcgacag agccaccatc tccccttggc caggtactac 480
attaaacctt ctgaagtctt ctatttgcaa cccaactcct tacagaatgt ttaaaaggca 540
45 tcaaagactt aaaaaagatt caactcaagc tgaagaagat cttagttagc aagaacaaaa 600
tcagcttaat gtccctcaaaa agcatgggta tgcgttagga agagttggaa ggacattctt 660
gtattcagaa gaacagaagg ataacattcc ctttgagttt gatgctgatt cacttgccct 720
tgacatggaa aatgacctg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780
tgcacaagat gtgaaagatg cccactggtt ttatgacacc cctggaatta caaaagaaaa 840
50 ttgtatttta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaatatt gttttgccaa cacagtccat 900
tgttccaaga acttttgtgc ttaaaccagg aatggttctg tttttgggtg ctataggccg 960
catagatttc ctgcagggaa atcagtcagc ttggtttaca gtcgtggctt ccaacatcct1020
ccctgtgcat atcacctcct tggacagggc agacgtctg tatcagaagc atgcaggtcal1080
tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctcttg1140
55 ttgctgaaga cattaatggt taaaagaaag gactgggggc aacctggaag cagtgggccg1200
acatcaaagt ttcctctgca ggtaatttta tgccaagcac tttttaaaaa gt 1252

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 695 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

tggttcattgc ctccctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcgggggagtg aaggcctcgt 60  
 tgagagaagg tctcattcgg tgttttggga agagagtcgt gtgggccag gtatcgtagc120  
 ggcgacacga gagagacggg cgggtgtgaca gccttccact acctgcacga gtgtattggt180  
 30 ctgtctgcta tcagctatgc cgctgcccggt tgcgctgcag acccgcttgg ccaagagagg240  
 catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgccgagg actatgacga300  
 tgatcctgtg gactacgagg ccaccaggtt ggagggccta ccaccaagct ggtacaaggt360  
 gttcgaccct tctcgcgggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg420  
 gctctcccca catgacccca actccgtggt taccaaatcg gccagaagc tcagaagcag480  
 35 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca ggggccatga540  
 caagtcggac cgcagccatg agaaactaga caggggccac gacaagtcag accggggcca600  
 cgacaagtct gacagggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcggga660  
 ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga ggccc 695

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2514 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 45 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

10

15

20

25

30

35

40

45

50

```
cggcgacggc gggggggcag ctgggaatcc ggaatgctgc ccgatggccc tgggtcctcg 60
ctgtggggca atccgggctt gcagacgagt tttagaaaga gcgttttqgc tacgtaaagc 120
acattcgata aaggatatgg aaaatacttt gcagctgggt agaaatatca tacctcctct 180
gtcttccaca aagcacaaag ggcaagatgg aagaataggc gtagttggag gctgtcagga 240
gtacactgga gccccatatt ttgcagcaat ctccagctctc aaagtgtgac agcccgaatg 300
ctgttcatga ggtggagaag tggctgcccc ggtgcatgc tcttgtcgta ggacctggct 360
tgggtagaga tgatgcgctt ctccagaaatg tccagggcct tttggaagtg tcaaaggcca 420
gggacatccc tgttgtcatc gacgcggtga gttgacttct ctctcctgg ctccgactcc 480
cggaaggcct gtgcagttag cacggctcct tgttctgtgc aggatggcct gtggtaggtc 540
gctcagcagc cgccctcat ccatggctac cggaaggctg tgctcactcc caaccacgtg 600
gagttcagca gactgtatga cgctgtgctc agaggcccta tggacagcga tgacagccat 660
ggatctgtgc taagactcag ccaagccctg ggcaacgtga cgggtggtcca gaaaggagag 720
cgcgacatcc tctccaacgg ccagcagggt cttgtgtgca gccgggaagg cagcagccgc 780
aggtgtggag ggcaagggga cctcctgtcg ggctccctgg gcgtcctggg acactgggcg 840
ctccttgcgt gaccacagaa acaaatggg tccagccctc tcttggtygc cgcgtttggc 900
gcctgtcttc tcaccaggca gtgcaaccac caagccttcc agdagcacgg tcgctccacc 960
accacctccg acatgatcgc cgaggtgggg gccgccttca gcaagctctt tgaaacctga 1020
gcccgcgcag accagaagta aacaggcacc ttggacgggg gagagcgtgt gtgtgatggg 1080
aaaatccgga cccacgcgtg tgctgaaggc gtacgggtgt tggcagattt tcaacttgag 1140
cataaattgg ttgccattga gaatttaaga ctttggaaata ttgcagcttt tgggttaaact 1200
taatgcattg ttggagatgt tatggcgaca ctaaacaagg tattcctgaa ctttcttagt 1260
ctccttggtg gtaactggga agacagaaat gaagaaaatc acatgagaat gaagaattct 1320
ttagcagctc aacagagttt ctccgctcgc tcccagatcg gcgaagtttc tacttgttac 1380
tctctctgcc ggcgccttct gtctcctcct tgcttccctt ccctagctct tctccggc 1440
gggagctggg caggggtccc cgggtgtctc cctgagtcct gactgcactg actgggtcca 1500
tcagagggct gcttcgttct ccagctcatc ttctttttaa gtggtgacta gcttgggtgg 1560
atctggctgc tgggttttgg cttattgaca tactccaggg taatcaatga tgactttgtt 1620
tggaaccctt tttggaggca ccatgggaac agaaggaaac atgagtgcag ctgacccttg 1680
agtgtgtggg tggggagctc tgagacgcct cctgtcccac gctctccggt gtccgtgtct 1740
acacaggggt ccccatgata cccaccggcc ccagcagggc agaccggacc ggggacgggc 1800
acggtgaagg gctgcagcct ggggtctgac gtggccccta gtgctgtctc aggagaaggc 1860
tctggaggac ttgaggcatg ctgggcctgg tgcagtgatg gcgctaagga gaccgggg 1920
aagacagtat cgtggtcacg tatgcttagg aagcagcaca gccgtgtcct tagggatgtt 1980
cggtccagt aaagacactg gtaactgcgg ttccagccaa cactcttcat ggcagtgtcg 2040
acctcggtt agcttctgtt gtctttgtgg atggttttcc tggagcggcc tgacgttgac 2100
gtgttctctg gtcccatgtc ttagcggggc atggtacggg ttcgtgcctg acgcgtgcat 2160
tagggtgttc tcttatactt tcagtagcat ctttccacag caagggccaa accctcctgg 2220
ttcccttcag agtctttttg gcctgatgat gactcttgag tgataccctg tgatgcagac 2280
atgccccaga tggattctac tttcttttaa actagggact ttcaagatta aaaaaagat 2340
tgtcactact aatttgacgc ctaacttcag aagcttcact gtctacatgt gaacttttcc 2400
agaaaaactg tgccatggac atttttctc tggggaatta acatctaaat tctggtaact 2460
attaaaagac agatctggtt aatttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataa aaaa 2514
```

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

20 cagagatctg ctgtgattat tccttttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60  
taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gactgccatc tcacggtaac120  
aggcagaaga caaaagtga accgggctga tgcgaatcac tgggaaactg gctttggcac180  
ctccagagaa tgaactgtt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240  
aggcagtgat cagccattc cctgcaaggt gaag 274

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 449 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

50 cgggttttagc ggcagctctt cgggattgtt tccattgccca ccctaaccgt gctggcctat 60  
gaacgggtaca ttcgcgtggg ccatgccaga gtgatcaatt tttcctgggc ctggagggcc120



attacctaca tctggctcta ctccactggcg tgggcaggag cacctctcct gggatggaac180  
 aggtacatcc tggacgtaca cggactaggc tgcactgtgg actggaaatc caaggatgcc240  
 aacgattcct cctttgtgct tttcttattt cttggctgcc tgggtggtgcc cctgggtgtc300  
 atagcccatc gctatggcca tattctatat ttccattcga atgcttcgtt ggtgtggaag360  
 5 atcttcagac aattcaagtg atcaagattt taaaatatga aaagaactg gccaaaatgt420  
 gcttttaatg atattcacct tcctggctcg 449

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

35

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact tttcatatta 60  
 agtcctgtct tagccaaggg agaagaatgt aaggataaga ccaccaatat cacaggggct120  
 gtctgagcct ttacctgtga ttttgtagca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180  
 aagtcagcta tgcagttcat aaaagtggac ctggttatat gtcacccaac agcatatggt240  
 ccctgcaagc ctgttttggga agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300  
 atgtcttttg aagcaatata ttttcccagg gttccaatgg actacg 346

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1329 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

10

```
ccccatca gttcgaattt ctgcagtga agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttccctccca gcatccttga tggcttaatt 120
cacctagcag cccagttcag ctcagaggtc ctcaactctg tgatggagac cctgtgcata 180
gtttgtacag tagaccccgga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
15 atcgccattt tcctaaagta cagtaatgat ccgctcgtcg cctcaactggc tcaggacata 300
ttcaaggagc tgtccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctggtca gcataatgca ggccc agca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
ccattgatat cctgacaaca gtagtacgaa atacaaagcc tcccctttcc cagttctca 480
tctgccaagc tttccctgct gtggcacagt gtacccttca cacagatgac aatgccatca 540
20 gtgcagaatg gcggagagt cttgcgggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcgcctt tgtttccacc 720
ctcatctcca aggcaggggc ggaactcggg gagaatctag accagattct tcgtgccata 780
ctcagtaaga tgcagcaggc agagacgctc agtgtcatgc agtccctgat catggtgttc 840
25 gtcctctggt tgcacactca gctagaacct ctcttgaggt tcctgtgtag cctcccagga 900
cctactggca aacctgctct agagtttgtg atggctgagt ggacaagccg acagcacctg 960
ttctatggac agtatgaagg caaagtcagc tctgtggcac tctgtaagct gctccagcat 1020
ggcatcaatg cagatgacaa acggctacag gatatccgtg tgaagggaga ggagatctac 1080
agcatggatg agggcatccg caccgcgtct aagtcagcca aaaaccaga acgctggaca 1140
30 aacattcctt tgtgtgtcaa gatcctaaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg 1200
ggaggctaag gccgtccgc caggccactc ctgcagagtg ggagtcaaa gtgcacgaag 1260
gcccttact tcccaggaag acttttagcc tgggcagatc aagttacaaa ttgtcaaatt 1320
atccaggaa 1329
```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 805 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

```

5  gccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
   gtctcagaga gtaccacagt gctccagccc ttctcctccc gcatccttga tggcttaatt 120
   cacctagcag cccagttcag ctccagaggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcatt 180
   gtttgtacag tagaccccga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
   atcgccattt tcctaaagta cagtaatatg cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
   ttcaaggagc tgtccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
10 actctgggtca gcataatgca ggcccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
   cccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacaaaagc ctccccttcc ccagcttctc 480
   atctgccaag ctttcctctg tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540
   atgcagaatg gcggagagtg cttgcggggc tatgtgtcag tgacctgga acaagtagcc 600
   cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
15 ctctgggacc cccgcagctc agagttcact gcggcctttg tgggcccgtt ttgtttccac 720
   cctcatctcc aaggcagggc gggaactcgg ggagaatcta gaccagattt cttcgtgcca 780
   tccttcagtt aagatggcag gaggt 805

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```

45  accagggtcaa gctcacccca aactattacc ttgatgcat gtgttgtcat accctgtgga 60
   gatctccaaa gtcaaaagca actgtcagac tcagagaagt atctgtgccc ctttaagata 120
   aaaggctccc cctatcaaga ccctgttcc ttaacgaatg caggaaaaca ggtctgccat 180
   agctggaatg aggtggtgtg gacaactgaa tatcaaggct ggacctcgtc aaccgggtgt 240
   tgtatgtcct taaaaccata cattcacttc actaaagaaa gtacccccca taattgccag 300
   tataaccaat gtaatccagt gcaaatttct attctcattc caacttctac tgaccctaaa 360
   cctactttaa gttgcggtat atggcatggg agccgaaata gcagggggcac atcttattgg 420
50

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 2143 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

20

```

cgccgcgcct tttttttttt ttttttaagt tgaacagaac attttatttc tcagcaattc 60
tatgcgtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaagca agagaaaatt 120
cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gagtatgaaa 180
gtactctaag attttatcta agttgccttt tctgggtggg aaagtttaac cttagtgtact 240
25 aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggaggtggc aacgtgaatt gcaaacaggg 300
cctgcttcag tgactgtgtg cctgtagtcc cagctactcg ggagtctgtg tgaggccagg 360
ggtgccagcg caccagctag atgctctgta acttctaggc cccattttcc cctctgaaaa 420
taagagggtt ggatcaaacg atctctgggg ccttagcatc tcaaatacctg tggatccctcc 480
tacttacccc tttagagagc ttactgggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttattt 540
30 gcaagtggta agagcctatt taccataaat aatactaaga accaactcaa gtcaaaccct 600
aatgccattg ttattgtgaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660
attttaaaat cagttttgtg agtcatttac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720
acaaccattg tattcctgtt tttctaataa gtcctaattt ctaacactgt atatatcctt 780
cgacatcaat gaactttgtt ttcttttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840
35 caacaaactt gccctctcat gccttgcttc tcaccatgct ctgctccagg tcagccccct 900
tttggcctgt ttgttttgtc aaaaacctaa tctgcttctt gcttttcttg gtaatatata 960
tttagggaag atgttgcttt gccacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaatgtt1020
caaattctaa gccactta atgcgtttgt acattaaaaa tgacaagggt tattatacaal080
gtagcctttt aaaaaattct cacacagaac agctttgtat ttagacttaa agctgttgct1140
40 actttgctag tgacgtttgt gttaacagtc agtgctctag gccattgatt gattgattgt1200
cagaatcaga agtgactaca caagagcatt agccagactt ttcagtgaga acaggtaaca1260
ggctggcacc agcacttggg acagcacgtg gacaggacga cggaaccag agttctctgt1320
ctctccttca cagcagatgg actcttctat aggtggctgt taatttacac aaagttatat1380
tccagaatca ggaagccccg tgtcgccaac acttgaagga gaactatgtt ccagttttgg1440
45 tgttgaactt ctacagaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc1500
aaagtacccc ccaaaagctg tttaaaagac cattccattt ttctctacac aaagtgcatal560
ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagtttt1620
cagtattcag tccctcatga acattttata gtcactctct cgccctgtt gtgaaatatg1680
tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgcttttca cgctgatcaa gtaaatattat1740
50 ggtgtctctt ttctgtctct caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgccag1800
ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcatattca tccatgttgt agtcatcttc1860
tctctcaggt ttctgtctgt ttctcccttc cccggcagct tctgtctcct cctcctgtcc1920
gtcggggatg acaagctggg ctgctcagg gccctccatc tctggatttt cctggctcac1980
tgacagggca gcctgcacct gtggggctct gccagttct ccggtccccc cgaagcctct2040
55 tccacctaca ggtctgtctt caacacctgc tcccggcctg gctcctgcgg cagcctgtcc2100
ctctgaggct ccgatcaaca ctgatctcat ggttcccttc cca 2143

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 450 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

25 tttttttaaa gccagctttt cttcagattt ttttggtggg caggctcgtga aagacaggtg 60  
aggaagtaga tcttgggctc agcatgcctc taaaagtata atttcttttt tttaatgtgg120  
aaagaaatgc ataactctgt ttctgttcct gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag180  
atactgggga tcccacagct ggggccactc agaggctacc aggaacgctt ccagtttgca240  
tctggctgtt agtgccagga ccagaaaccc acagacctct tcacagacct cctgaccgtg300  
30 atgtccctga agcctggaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tgggggtgtt360  
tgtggaaccc agtgaaactg tgtaacaca gtggaactgt gttaattttg agtggaagtt420  
caagttccgt ggagttcatt gggcccgttt 450

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

35

## (i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 408 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

5  
tgcaactgtg caccagctt gccagatttt tccccattac accccagtg tggcatatcc 60  
ttggtcccca gaggcacaac ccttgatctg tggacctcca ggctggaca agaggctgct120  
accagaaacc ccaggcccct gttactcaaa ttcacagcca gtgtggtgt gcctgactcc180  
tcgcagagccc ctggaaccac atccacctgg ggaggggcct tctgaatgga gttctgacac240  
10 cgagagggc aggccatgcc cttatccgca ctgccaggtg ctgtcgccc agctggctc300  
agaggaggaa ctgaggagc tgtgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagttcca360  
accaagagtg tgctccagat gtgttggggc cctaacttgg cacagagt 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- 15  
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 311 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
30 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 35  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

40  
tacagttttt atcagtgatc acattttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60  
acaggagaga aggcagtagt gcatggggta catagggaga tgagggcaag catcaccaag120  
gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgcttt acaacctccc tggagagcaa180  
tttaaaaata tgaatcaaga tccttttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240  
tatgcacaaa aatatgtggg catccattga ctttccaacc tcttctcttt ccagggggaa300  
tattccttaa a 311

- 45  
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
50 (A) LÄNGE: 487 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

## hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15

gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tggtaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60  
agtcaactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtggc cagaatcata agccctgacc120  
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180  
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttg gaagcaatgc atcctacatg240  
20 ggctgatatt cagcctgagc tgttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300  
aatccattct gattgggttg agtctatgct ataccagttg ttaaacttt tgagtatcac360  
tcttgcatatc tgttactatt atatttctc tatatataga cagaaaggcc attttttagga420  
tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt480  
tcctaaa 487

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1902 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

50

gaggaaaaag aacaatgaac agcaacgata ttgactgtgc aactcagaca ttctgcaga 60  
aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg gggccttccc agcatttgac 120  
tggtcattgc atagaatgaa ttaaataatcc agttacttga atgggtataa cgcataaatg 180

tgtgatttta ttaggggcat ctgccaatc tctcactgtg gttccttctc tgactttgcc 240  
 tgttcatcat ctaaggaggc tagatccttc gctgacttca ccattcctca aacctgtaag 300  
 tttctcactt cttccaaatt ggctttggct ctttcttcaa cctttccatt caagagcaat 360  
 ctttgctaag gagtaagtga atgtgaagag taccaactac aacaattcta cagataatta 420  
 5 gtggattgtg ttgtttgttg agagtgaagg tttcttggca tctggtgcct gattaaggct 480  
 fgagtattaa gttctcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagtttgc tgcattttct 540  
 atgtgctgtt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgagc tatgccaaact tggggtggtg 600  
 acagagtact tcccaccaca gtgttgaaag ggagagcaaa gtcttatgga taaaccctcc 660  
 tttcttttgg ggacacatgg ctctcacttg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720  
 10 gtcactaaac atgttatcct taaaccccc gtatgcctga gttgaaaggg ctctctctta 780  
 ttagggtttc atgggaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggctcaaa 840  
 tcatctgagg ctgatagata tttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900  
 ggcataagca acagtttctt gaatgtgcca tctgagaagg gagaccagg ttgtgagttt 960  
 tcctttgaac acattggtct tttctcaaag ttcctgcctt gctagactgt tagctctttg 1020  
 15 aggacaggga ctatgtctta tcaatcacta ttattttcct gttacctagc atgggacaag 1080  
 tacacaacac atatttgtgt agtcttctaa aagactcctc tgattgggag accatatcta 1140  
 taattgggat gtgaatcatt tcttcagtgg aataagagca caacggcaca accttcaagg 1200  
 acatattatc tactatgaac attttactgt gagactcttt attttgcctt ctacttgcgc 1260  
 tgaaatgaaa ccaaaacagg ccgttgggtt ccacaagtca atatatgttg gatgaggatt 1320  
 20 ctgttgcctt attgggaact gtgagactta tctggtatga gaagccagta ataaacctt 1380  
 gacctgtttt aaccaatgaa gattatgaat atgttaatat gatgtaaatt gctatttaag 1440  
 tgtaaagcag ttctaagttt tagtatttgg gggattggtt tttattattt ttttctttt 1500  
 tgaaaaatac tgagggatct tttgataaag ttagtaatgc atgtagatt ttagttttgc 1560  
 aagcatgttg tttttcaa atatacaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggag 1620  
 25 gcaattatat tattcttctg tagttaagca aacacttgtt gagtgcctgc tatgtgcacg 1680  
 gcatgggccc atatgtgtga ggagcttgtc taattatgta ggaagcaata gatctcggta 1740  
 gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaatat 1800  
 cagagctgag ttatccccag ttagcttctg ttggggattc cagtttctgg gaacgagagt 1860  
 tagggccatt ttatttaaaa gaaactcccg gttgagaccg gt 1902  
 30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

55

ctcaccgtcg tctacaccgt gttctacggc ctgctcttcg tgttcatcta cgtgcagctc 60  
 tggctggtgc tgcgttaccg ccacaagcgg ctgagctacc agagcgtctt cctctttctc 120



```

tgcctcttct gggcctcccg gcggaccgtc ctcttctcct tctacttcaa agacttcgtg 180
gcggccaatt cgctcagccc ctctgtcttc tggctgctct actgcttccc tgtgtgctg 240
cagtttttca ccctcacgct gatgaacttg tacttcacgc aggtgatttt caaagccaag 300
tcaaaatatt ctccagaatt actcaaatac cgggtgcccc tctacctggc ctccctcttc 360
5 atcagccttg ttttctgtt ggtgaattta acctgtgctg tgctggtaaa gacgggaaat 420
tgggagagga aggttatcgt ctctgtgcga gtggccattt atgacacgct ctctgtgctg 480
tgtgccgtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtcctt agccaacatt 540
tacttgaggt ccaagggtc ctccgtgtgt caagtgtact ccatcggtgt caccgtgata 600
ctgctttaca cctctcgggc ctgctacaac ctgttcattcc tgcatttttc tcagaacaag 660
10 agcgtccatt cctttgatta tgactggtag aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720
cagctgggag atgctggata cgtattattt ggagtgggtg tatttgtttg ggaactctta 780
cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gtagaaatc ctacaaagga ccttaccac 840
cctggaatgg tccccagcca tggattcagt ccccgatct tatttctttg acaacctcg 900
aagatatgac agtgatgatg acctgcctg gaacattgpc cctcaggagc ttcagggaag 960
15 gtttctctcc agattactat gagttgggga caacaaacta acagcttctt ggcagaagca 1020
gggacttttg aaagcctcaa agtttggg 1048

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 804 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```

gccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
gtctcagaga gtaccacgt gctccagccc ttctcccca gcattcctga tggcttaatt 120
cacctagcag ccaggttcag ctccagaggtc ctcaaccttg tgatggagac cctgtgcatc 180
45 gtttgtacag tagaccocga attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240
atcgccattt tctaaagta cagtaatgat cccgtcgtcg cctcactggc tcaggacatc 300
ttcaaggagc tgtcccagat tgaagcctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360
actctggtca gcataatgca ggccccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420
gccattgata tcttgacaac agtagtacga aatacaaagc ctccccttcc ccagcttctc 480
50 atctgccaaag ctttccctgc tgtggcacag tgtacccttc acacagatga caatgccacc 540
atgcagaatg gcggagagtg cttgcgggcc tatgtgtcag tgaccctgga acaagtagcc 600
cagtggcatg atgagcaggg ccacaatgga ctgtggtatg tgatgcaagt ggtgagccag 660
ctcctggacc cccgcacctc agagttcact gcggcctttg tgggcgcctt tgttccacc 720
ctcatctcca aggcaggcg ggaactcggg gagaatctag accagatttc ttcgtgccat 780
55 ccttcagtta agatggcagg aggt 804

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 581 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

25 tctttgatca gatttagtgt cttaggtaat taaatcagaa agtctattta gctattctag 60  
aagtgtatgt gtaggtattg ggtggttggg gttctttgag cgaacttgtc agaaactcca120  
ttcttaacat cagaatcagg gcaggattga aaacattgtg gctggatctt gaaattgcta180  
taacatctat tgcagaaaaat gataggtcag atggatagca ataataatta tatatcagat240  
cttagtaaca aaattaccaa gctttatcta gtggatatat gtaaaagaat atttttaaat300  
30 gtccagcatt gatgtatttt ctttaagaat tattacagta tataagcatt ctttgggaat360  
acagtataaa aacataaatt ttttcgtatt ttttaattttt tttatttttt tggcgaagga420  
tgaatcctcc cctgtaaaat attgattttc gcctaaattt cggggtttcc ctggcacata480  
atagcactgg ccccaacttc ggagatggcg gatgcgggta aaaagccaaa aggatggatg540  
gggatccgga aatacgtggt ggaatggaag cgaatccaat a 581

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91.

```

tggagatatt agtcagtttc tttagtata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
ctttgggggt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
10 aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccaccacag agggagggtgt 240
gaagccttga gaacctcaag aaagggctgg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccaccacgc acttgctgag 360
gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcattccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
15 gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
gcagctcact gacaggggtg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
ggtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtgggtt 660
acctagcttg tgtatttag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tgtgttacta tcccaagcct 780
20 ggattatttt atttatttaa aagtatttta atttccatat tggctttatt ctaatcccat 840
ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
catgctcatt taggaagctg ggagtttctg gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
ttcgttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag 1020
agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat 1080
25 tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttccctg tgattcaaaa 1200
ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactgggtt 1260
agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggata ttactgtatt cttgaatgca 1320
ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380
30 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccac 1440
tgacgtcttt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta 1500
aaatgggttc tctggcagac tgcaccctt gagtcaaagt taacagtatt cctttgaatg 1560
caataataga ggcttttctg cgtaaggga gaaggaaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
cccaggcagg tccctttgcc ggccctaca ggctgggggt gcccctcctg tcctcaggga 1680
35 tcagactccc agactggtta gttctgcatg tttccatcaa attaaagggt attccttggc 1740
cgctcctctg agaaaaccaa ccccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800
gcctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa 1860
tatcggtttg ctttttgttt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc 1920
aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980
40 ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
ag
2042

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 430 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```
10 gttaaaaacc tagtattcat tttttttttt cctgtaccaa aacaatcatc ttccttttatt 60
   tttcctggag cggaagagg agagtggaga agaagggaag aatgcaaagt gtcactttga120
   acttctcggt caccacacac gtgggaagtc actcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180
   ccagggtgaaa gaaagaatga ggtctagttg gaccagctaa cactgcctgc cttgtgttta240
   cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacagggcc ggggccacga300
15 acctgcatcc tgcctcctaa gcacctattt gccatgcggt gaggcttaac ttgggaaact360
   tcaatttgct tgggggtgcag attagctttc caaactattg tgatgctcat gcttgacttc420
   ccaaggactt                                     .430
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 592 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```
45 aattaaaata aatagaaaca tacggagatt cttttatggt ggatttatta taccctccac 60
   cattttggtc cctgaaaagg gaaaagatac acggtcgagt agtacaggta tgtgtttccc120
   actacacatt atggctataa tggagttgaa ttgcaaacag taaaattttg ttttggttg180
   gtttcccctg atccccccag acaggagctt cctctcccac cctacctgcc tgccttaag240
   ttgtgtccta ttaaactgga cacaaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300
   gctacacacg gtgacaccag aatagctact tgttttttta tgttaccagt gagtaacttg360
   tttatccttg tatgtagaaa ctaatttcac catgatcaca gatctgtgta acatctctag420
50 tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actaggaaaa cttacacctt tttgttccaa480
   ggggtgctct catctattaa aaccgtgggg gcatacttcc agtggttgct ctgaggggcca540
   aattttgtgg gtcgtggggg acaattttgt attaacatac gttattttgt aa 592
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 674 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

25 aaggccgcgc aagtgcactt gcggtgcacc gttaccgtag cgactgggct tctggactgt 60  
 atatcctagc tgccttgta acatcttcga gcatcggcag ctccggaggc cgggtaact120  
 ggcagcaggt aggaactat gtgaaagaat ctctgatgt cataatttc ggggtgcacc180  
 ggaacatttg atcatcattc ctttggcaat tccagccttc tgtggaaagg ccagtagaaa240  
 gcattgattt attcacctct acaggaatca gactcagcct cttttggttt tcagtgaagt300  
 30 atgccttttc aatttggaac ccagccaagg aggtttccag tggaggagg agattcttca360  
 attgagctgg aacctgggct gagctccagt gctgcctgta atgggaagga gatgtcacca420  
 accaggaac tccggagggt ccctggaagt cattgcctga caataactga tgttcccgtc480  
 actgtttatg caacaacgag aaagccaact gcacaaagca gcaaggaaat gcacctaata540  
 tagcaccatt aagtcttttg tcaaggctct actaggtcaa gggtaatgga ccagtatcat600  
 35 ctggtgatct ggtaaacaaa taaaagtggg ggcacctta gatgatgaaa aaaaaaaaaa660  
 aaaaaaaaaa aaaa 674

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 324 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

10 gttctttttca ttccatcact ttaggtgatg ggtaagattt ttgaaagcct tatatttttt 60  
gattttgttg tctagtttaa tctaccttt aatagttgtg ttggtaaaa ttccacttg120  
aatgtgacac tgataataat tatgctgatt tttagcatct cttataggaa tcaaagttta180  
ttaaagttac atagaggatt gaaaaatgta tatcactcaa tttttatcta aggagggata240  
gggtataaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatccttt ttccataac300  
15 catttgggat gctttaaggc aatt 324

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 709 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
35 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

ggatgcgga ctataacatc cccgtcagag tgtgtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60  
atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctcctgg gcttgggctg120  
caggtttggg ggtctctaag aacaatctct gagaagaacc cttgggcccc tgggagccaa180  
45 gttggacagg atgtcctgaa gactagcttt tgataagaga aattaaccaa gtctttcccc240  
tcatctatga tgcaatatat ttcagtgggg gccttcagag cacacctgtt ggacggtgca300  
aaccatatct tctccagaag gcaaatactt ttgtatcaga ggaaactcag ttttgagag360  
gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaac tctctctaat ggtaaactgg cttctaattt420  
ttttaagtac agtatTTTTT tttccccctt agtagtaacg ggtttctata gatcttccta480  
50 tacagtctgc ttaactcag gacctgaga ttatgagact gacgtgctgc ccactgcact540  
gaggggggctt ctaacagtct gctttaagtg gtataattct gggatagatc tgttactggc600  
atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctcctttt tatgaaggga agagcaatgg660  
tttgactta catctaaatt aaggctattt taagcagatt gttttgcaa 709

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 562 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

25 gtccagatgg aatgactccc atcctctcct catctccct ttgacgagcc tcaaactgct 60  
cagctcatca aagagccatt gccaacttcc gtatgtggt ctgggtccca gggagccttg120  
gaacctggca ccctggggtg gtttaattcc ggcacgagag cattcctgct tctcaaggga180  
cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgat catgtgcatt cctgcttctc240  
tggggacaca gtgggccac atgggccagc atggaccctg ggctagagca agcacatctc300  
30 catctcttcc acctcaggca gtgtggctcc agatgtcagg agggactgac ctcaggacct360  
tccaggttcc tctgtgccag gaatgagagg ccaggcccga tcctaccacc tcgccttgac420  
cctgaagtca gagcaggcca gccaaagcagg aagcacactg ttttaatttt tgcatggaaa480  
gtaaatgtgt accttgatag ggttaaaata tggtctttt taagttgctc aaccccataa540  
tttgagccat tgccttgctt aa 562

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1948 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

```

gatcaccaag acacacaaag tagaccttgg gctcccagag aagaaaaaga agaagaaagt 60
ggtcaaagaa ccagagaotc gatactcagt tttaaacaat gatgattact ttgctgatgt 120
ttctccttta agagctacat cccctcttaa gagtgtggcc catgggcagg cacctgagat 180
10 gcctctagtg aagaaaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gcgaggagca 240
tgtagaacct gagaccacgc tgcctgttag acggacagag aagtcaccca gcctcaggaa 300
gcaggtgttt ggccacttgg agttcctcag tggggaaaaa aaaaataaga agtcacctct 360
agccatgtcc catgcctctg ggggaaaaac ctcccagac cctagacagg gtgaggagga 420
aaccagagtt ggcaagaagc tcaaaaaaca caagaaggaa aadaaggggg cccaggagcc 480
15 cacagccttc tcggtccagg acccttgggt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttgg 540
ggacacttgc tcagtgggga agaaggatga ggaacaggca gccttggggc agaaacggaa 600
gcggaagagc cccagagaac acaatgggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660
gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccaggtcc atggagagca gccctaggaa 720
aggaagtaaa aagaagccag tcaaagtga ggctccggaa tacatcccca taagtgatga 780
20 ccctaaggcc tccgcaaaaga aaaagatgaa gtccaaaaag aaggtagagc agccagtcac 840
cgaggagcca gctctgaaaa ggaagaaaaa gaaggagaga gagagtggg tagcaggaga 900
cccttggag gaggaacag acacggactt agaggtggtg ttggaaaaaa aaggcaacat 960
ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggccttg caagaagaga tcgatcgca 1020
gtcaggcaaa acggaagctt ctgaaaccag gaagtggacg ggaaccagt ttggccagt 1080
25 ggatactgct ggttttgaga acgaggacca aaaactgaaa ttctcagac ttatgggtgg 1140
cttcaaaaac ctgtcccctt cgttcagccg ccccgccagc acgattgcaa ggccaacat 1200
ggccctcggc aagaaggcgg ctgacagcct cgagcagaat ctgcagcgg actacgaccg 1260
ggccatgagc tggaagtaca gccggggagc cggcctcggc ttctccaccg ccccaacaal 1320
gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaagatt aaactctaga 1380
30 gttttgtccc ccaaaaactg ccacaattgc ttgtattatt ccatttatgc tggagattac 1440
aaattttttt tgtgaaaaaa tcagatcttg gtgaggacct cgagcagtaa gatataaata 1500
actcccataa gcttagcggt ccagtaatgg aacactaggc ataaatggtt tattcagttg 1560
tgcaaatgaa agccatctga cagttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacga 1620
ggacaactat attgatggc ttggatgaac tggggcaggg cagctcatat ttcgggagcc 1680
35 aggaagaacga gtgagtgcta aaacctctg tttctgtgt taaacattcc gtccctgttt 1740
gagacatcag tatgtacagt taacttttgt tgagtgttta gcaggtacta gggacatact 1800
agtgttttcc ttaatgtatt taatcttcat aattatgaaa tgggtgctat tattagcccc 1860
atcttataga tgaggcaact gaggttcagg gataaagtaa taaaattgcc tggggtcacc 1920
40 cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1948

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 483 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

10 aatttatggg gtctatcttt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60  
 atgtatctaa cagttttata gtgaaagtac tttttaaaaa agtatttgaa tggtcatttc120  
 tatttttccc cctttgctgt acaagttaaat ttttactcat cttttgctgt acaaattaac180  
 tttcatcaat acaaataaga ggctagtttt aagtcaattt atttgcatg agcccaggaa240  
 caattaaatt ctataaagta atgtattaaa atagtacact ttaaaaatta ttttccttct300  
 15 ttttttctct ttaaatttta agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac360  
 tatatactac tatcagtc aa tggggaaaaa ataagtccat atgttttatg ggtaaaatgc420  
 tgtaaatgat tgggattgtc caatttgcct tgaaaaaaat cacagcagtt tttagggttc480  
 cct 483

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 437 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

45 cccgcttgag gcgtaggggg tggcgtctc cgctcggcgg cgctcccatg gcgcacatta 60  
 ccattaacca gtacctgcag caggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt120  
 gtgcagagtt ggtgtctttt aaacatcctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct180  
 ctccagagga gaagtgtcaa caagtcttgg aacccctta tgatgaaatg tttgcagctc240  
 atttaagggtg cacttatgca gtggggaatc atgacttcat agaggcatac aagtgccaga300  
 ccgtgatagt ccaatcattc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc360  
 tgctgtcatg tatgcagtag cgcttgacct ttcgagtgtt tgccaataat gcagttcaac420  
 50 cagttgggta aggaagg 437

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 359 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ+BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```
cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcaggaag tgacacaggc 60
ctgtgtcatc tcgctttggc agcaggtggg tggccttcct caggggagga ggtggcctga120
gatgtgtttc agtcttttga cccatcactc cctacacaca cgacgtgaac accactcctg180
gagcattctc agaatggaga tttgaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240
atcattcccc acacaccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagttccttg300
tttcagattt gaaggtttta tgaatccact tcttcggat gtagctcttt aatgatttt 359
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 501 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

5  tcggcgtcac atcctgagtc ggcctctgc cgaggcgag cggacatgca ggctccccgc 60
   ggcaccctag tcttcgccct ggtgatcgcg ctctgtcccg tcggccggga accttctagc 120
   caaggatctc agagtgcctt acagacatat gagctgggaa gtgaaaacgt gaaagtccct 180
   atttttgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggagagct tgataaatgg 240
   atgaacagca tgaatagaa# tgcgcacttt gaatgtttac ctacctgaa ggaagagaag 300
   gaatcaaadc acaaccacag tgacagtga tccaaacct gaatggcgct catgttttcc 360
   aagagaagca gccctgagg gagtctgctg aggctgccaa cagaggatga agaggataca 420
10 aatttaatta atttcaaatc aacatagaca caagaacctt ttgctgtttc ttccaacgcc 480
   cactcttcct aatgatggca t
                                     501

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1102 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

   cgggatctcc cgaaggaatt tacggggatt cctcggacca ttatcctcag gcaagaaaca 60
   aaaccaaact tggactctcg tgcagaaaat gtagccatt accacatgta gccttgaga 120
   cccaggcaag gacaagtaca cgtgtactca cagagggaga gaaagatgtg taaaaaggat 180
40 atgtataaat attctattta gtatcctga tatgaggagc cagtgttgca tgatgaaaag 240
   atggtatgat tctacatatg taccattgt ctgtctgtt ttgtactttc ttttcaggtc 300
   atttacaatt gggagatttc agaaacattc cttcaccat catttagaaa tggtttgct 360
   taatggagac aatagcagat cctgtagtat ttccagtaga catggccttt taatctaagg 420
   gcttaagact gattagtctt agcatttact gtagttggag gatggagatg ctatgatgga 480
45 agcatacca gggaggcctt tagcacagta tcagtacat ttatttgtct gccgctttta 540
   aaaaataccc attggctatg ccacttgaaa acaatttgag aagttttttt gaagtttttc 600
   tcaactaaaat atggggcaat tgtagcctt acatgttggt tagacttact ttaagtttgc 660
   acccttgaaa tgtgtcatat caatttctgg attcataata gcaagattag caaaggataa 720
   atgccgaagt cacttcattc tggacacagt tggatcaata ctgattaagt agaaaatcca 780
50 agctttgctt gagaactttt gtaacttgga gagtaaaaag tatcggtttt attctttgct 840
   gatgtccttt ctgcttgaaa taacagtcac catacagcta aaggagagga gtttctttcc 900
   ttctaagtag gcagaaatgg tatcattatg ttgccgtct ccaatctccc agagctcgct 960
   ctctagagaa tcaccttctt tcgcgttttt tttttttttt gagggtagga gtctcactat 1020
   gttgccccaa gactaggcct gggaactgtt ggggggcccc ggggattgct cccgtcccgcl 1080
55 aggcctcccg agtaggccgg ga
                                     1102

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 306 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

25 gaccaacctt cctgccatt tatacggcat aaaaccctca atctcaccag tatggctacc 60  
aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa cttctggaat ttacaactca120  
gaaaaatctt caaatctatc tgtaacaact gatttctccg aaagccttca gagttctaata180  
attgaatcca aagaaatcaa tggaattcat gatgaaagca atgcttttga atcaaaagca240  
tcttgaatcc attttttttg aaaaacctta aaaagggcga tcacaatttt tttgaacaag300  
30 ggtcat 306

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:105

```

5  'tggagatatt agtcagtttc tttagtgata tttgtttcct tgatgtgcct ttttgttttt 60
   ctttgggggt tttggaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
   agacaggaca tgttcttgag ccactgtagc tgttgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
   aacccccccg ccaggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccacccacag aggaggggtg 240
   gaagccttga gaacctcaag aaagggctgg attctgccat acctttgggt ctaccttggg 300
   actgctgggt gccaacgtgt caaccagcct gtgttccctg ccacccacgc acttgctgag 360
10  gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcatccaag gagttcaggg ccctgcttgg 420
   agaagaaata ctttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccttttt tgtttcttta 480
   gtgaatgcaa gatttaataa aagtgaataa tgagcttccc ctttgggagt ggagcccagt 540
   gcactgcact gacagggttg acatcagta gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgta 600
   ggtagggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtgggtt 660
15  acctagcttg tgtatattag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
   aaaagaaaag tctattttgt taacgacagg ctctgttcta tgtgttacta tcccaagcct 780
   ggattatttt atttatttaa aagtatttta attccatat tggctttatt ctaatcccat 840
   ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
   catgctcatt taggaagctg ggagtttcgt gaagctgagg gtgagttcct gtgattcttg 960
20  ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaa ttagctgtag 1020
   agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttagggtt ttgtgaggat 1080
   tcagtgttta gcacagtgtc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
   tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttccctg tgattcaaaa 1200
   ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgtaggaa ttactggttt 1260
25  agagtagccc agttctcggc ctaccctgct ggttgggata ttactgtatt cttgaatgca 1320
   ctggtttgaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatga 1380
   actcagctg gaaaaggtaa aggtgacctt tggctagcca catactggac cttacccac 1440
   tgacgtcttt cagaacattc caaggggttt cctcaaggaa catttttgag ctagaaatta 1500
   aatgggttc tctggcagac tgcacccctt gagtcaaagt taacagtatt ctttgatg 1560
30  caataataga ggcttttctg cgtaaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
   cccaggcagg tccctttgcc ggcccctaca ggctgggtg gccctcctg tctcaggga 1680
   tcagactccc agactggtta gttctgcatt ttccatcaa attaaagggt attccctggc 1740
   cgctcctgg agaaaaccaa ccccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggattttg 1800
   gcctctcaga acagctccta gaggtgctc atgactgaat gttttcccaa atcacctaaa 1860
35  tatcggtttg ctttttgttt tgggggagag gatttagcct cttacttccc tgatggattc 1920
   aaagttttat ctatctcctt atctcctgcc ctgtcttggc acaactctgg atagattgca 1980
   ggtgtggaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
   ag
   2042

```

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 320 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

aatcttttta ccatgaaatt tcttcagaa ttttccctt ttgacacaaa ttccatgcat 60  
gtttcaacct tcgagaacta gccaatgtc atttctgtaa aatcttcctt gactcttcca120  
10 agcagtaatt tgccttctcc tagagttag ctgccatttt gtgcacattt gatttacagt180  
agcatgttat ttacaattg tgactctcct gggagtctgg gagccatata aagtgggtcaa240  
tagtggttgc tgccttgaga gttgaatgac atttctcttc tgttttggtt ttactgtaga300  
tttcgatcat tctttggtta 320

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 506 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

gtcgaacagc aaagccaaga cttgttaaaa aggtttgaag aggaaggacc ataacaattg 60  
aaagggggaa attataagat acagtaaat cctcttcaa gatttagcct gttgacttcc120  
40 ttattctttg ttctcaaact cgacttcctt gttgtccatg cctccttgtc cctagttact180  
gtgaacaacc ttcccaccag ttctaataaa taactcacat ctgctccctt ggttaccac240  
tctgcacca ttctccac tgaaactgca cttcccacca ctgtaactca catccccctt300  
cccttcctta ttggaaaag tattcacaaa tagccaatcg ggtcaactta gaatgagcgg360  
45 tccaaccca gccctgggg gaggacaca gaggtaggga ctgtgttagg gataaaacc420  
ttttcctttc ttgttcagt gtctgtgt gatcatgatt gatgcaggca gcagcctttt480  
tgagaagta aattgccttg ctgagg 506

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:108

```

20 gcgcggccgg cgcttgccgg gcgagagggt cggggcgaag gggaagctac gtcccggagg 60
   tgcggtgtgg ggcaccgggc ggggccgagg gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120
   agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180
   tcccggcatg ccatgaaatt ggctcggcgc ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240
   ccgccgcgcg cgaatcgccg tcgcgagcca tggaggagga ggcatcgtec ccggggcttg 300
25 gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctgggcat cagcgcatc ctagaatctt 360
   ccccaggtgt gactgaggtg accatcatag aaaagcctcc tgctgaacgt catatgattt 420
   cttcctggga acaaaagaat aactgtgtga tgctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480
   tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540
   gaagcatggc aattaacagc atctcaaac tgactcagct caccagctc tccatgtatt 600
30 cacttcctaa tgcacccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgatg 660
   atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
   atggcagtg gaaagtttgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780
   ctgagatctg gttcctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac acctttactg 840
   cctattaccg cctgtctatc acccacctgg gcctgccccca gtggcaatat gccttcacca 900
35 gctatggcat tagcccacag gccaagcaat ggttcagcat gtataaacct atcacctaca 960
   acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat ccagcaaaag1020
   tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
   gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtccctccac ttcctccact tctaaatcct1140
   cctctggctc tggggaaacc ccaccggga agttgaggca cccttcctc caatttgct1200
40 aaccagtttc caggagtggg gtgggtttt ccgtggcaca ggttgggggc ttaggggggg1260
   ttggacgttc cttttt
                                     1276

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 373 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

15 aaatacattt atgtttcttg aaatgtgta agtggccttt gtcaaggtgt ttataataga 60  
agagtatata aaaatgaatt tctctagaga tgcagcatac tctaaagatc catcattaga120  
taattaaaaa tatgtaagtc atgctaacat ttccatatat aaatggagaa cattaactct180  
cctactgttt agttataaaa taccaaattt tgtaattatc ctatctggaa ttacactata240  
ctgcaaaaat gccagttact tcacttttaa atttgacaat gtatgtgatg aattataaaa300  
tttaatagcc tacatctttt cctccttgta tccaaatttc tccggacctt aatgcttaaa360  
ccttttggtt acc 373

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 492 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45 gtcttttgaa atctgtttcc actacagcta tgggtcaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60  
agtcactgcc agggctgccg ttctcctgaa cccagtggc cagaatcata agccctgacc120  
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca ttctcacca gttctgtgag180  
atagcacata aaaatagagt tctttgggca aaacttttgga gaagcaatgc atcctacatg240  
50 ggctgatatt cagcctgagc tggtctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300  
aatccattct gattggttgg agtctatgct ataccagttg ttaaaccattt tgagtatcac360  
tcttgcatatc tggtactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc attttaggaa420  
tatttaaagg gctcttgaaa attttctggc attagaccca actgaagggtt ctattaaggc480  
agggttccta aa 492



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

gcctcagcag actccttggg cggtagcagg gagatggtgc aacggcccca gcctgcacag 60  
 gaaccgagca ggcctggatc tgccaacccat agacacggga tatgattccc agccccagga 120  
 tgtcctgggc atcaggcagc tggaaaaggcc cctgcccctc acctccgtgt gttaccccc 180  
 30 ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gttccctcag tttgaacctc agaggatatcc 240  
 agcatgtgca cagatgctgc ctcccaatct tccccacat gctccatgga actatcatta 300  
 ccattgtcct ggaagtcccg atcaccagggt gccatatggc catgactacc ctcgagcagc 360  
 ctaccagcaa gtgatccagc cggctctgcc tgggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420  
 aggctgcac cctgtgcaga aggttatcct gaattatccc agcccctggg accaagaaga 480  
 35 gaggcccgca cagagagact gctcctttcc ggggcttcca aggcaccagg accagccaca 540  
 tcaccagcca cctaatagag ctgggtctcc tggggagtcc ttggagtgcc ctgcagagct 600  
 gagaccacag gttccccagc ctccgtcccc agctgctgtg cctagacccc ctagcaaccc 660  
 tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttgccagaa gaattgcgga aagtctttat 720  
 cacttattcg atggacacag ctatggagggt ggtgaaattc gtgaactttt tgttggtaaa 780  
 40 tggcttccaa actgcaattg acatatttga ggatagaatc cgaggcattg atatcattaa 840  
 atggtggag cgctacctta gggataagac cgtgatgata atcgtagcaa tcagcccca 900  
 atacaaacag gacgtggaag gcgctgagtc gcagctggac gaggatgagc atggcttaca 960  
 tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgagttcata aaacaaggaa gcatgaattt 1020  
 cagattcatc cctgtgctct tcccaaatgc taagaaggag catgtgcccc cctggcttca 1080  
 45 gaacactcat gtctacagct ggcccaagaa taacaaaaaac atcctgctgc ggctgctgag 1140  
 agaggaaagag tatgtggctc ctccacgggg gcctctgccc acccttcagg tggttccctt 1200  
 gtgacaccgt tcatccccag atcactgagg ccaggccatg tttggggcct tgttctgaca 1260  
 gcattctggc tgaggctggt cggtagcact cctggctggt tttttctgt tcctccccga 1320  
 gaagccctct ggccccagg aaacctgttg tgcagagctc ttccccggag acctccacac 1380  
 50 acctggtctt tgaagtggag tctgtgactg ctctgcattc tctgctttta aaaaaacat 1440  
 tgcagggtgcc agtgtcccat atgttccctc tgacagtgtg atgtgtccat tctgggcctc 1500  
 tcagtgttta gcaagtagat aatgtaaggg atgtggcagc aaatggaaat gactacaaac 1560  
 actctcctat caatcattc aggtacttt tatgagtag ccagatgctt gtgtatcctc 1620  
 agaccaaact gattcatgta caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaa 1678

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 866 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:112

```

gtcgccatga ctgccaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60
gccagctctg atcaaaggcc tgtgggtccct tcatcgaggt ccagggttgc cttttccgtg120
tctgtgctgg accttgacct caagccctac gagagcattc cccatcagta taaactggac180
ggcaagatcg tcaactatta ttcaaagact gtacgtgcca aagacaacgc cgtgatgtcg240
actcggttca aggaaagcga agattgcaca ttagttctcc acaagggtcta actctttccc300
tgcagtgtct ttgaaacttg aacataatgt gaaggctgaa tgatagagat attttctgtt360
gtgttggttg acctttggtt gtgaatgttt ttgcttttaa ccccttttga ggtgggattg420
cctcttgagg acatggaatt gaagagcact agaaacaact tcctggacaa ggaatgtagg480
aagtgagtgc tgtgtcccag gaagctgttc acactcttaa aatggaagtg tccgttaagc540
cctgggaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta600
atgcgaaaag ccttattcta agacccaagg tttggatctg ctaccaccag actcctaaca660
tagaaaaactt gaattgtcac atacatttta cagtttgac ttttaagaaa acatggatac720
tactgggaac ttccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgaag ccacatatca780
acacagggtt ttaagggtgg tgccctggctg cacacgtgaa ccccggtggc cccagatgc840
cgattctgag ccagtgtaga cccagg                                     866

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

10  
gcgcggccgg cgctgcggg gcgagagggg cggggcgaa ggaagctac gtcccggagg 60  
tgccgtgtgg ggcaccgggc gggcccgcb gaaccggcgc cccacggagc tgctgctgtc 120  
agaccaaccc cgggccccca tcatcactgc gccgcgcttt caggcgccga gaactaccgt 180  
tcccggcatg ccatgaaatt ggcctcgccg ctgaggcggg gtccggccct ccaccgctc 240  
15 ccgcgcgcgc cgaatcgccg tcgcgagcca tggaggagga ggcacgtcc ccggggctgg 300  
gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga cctggggcat cagcgcac ctagaatctt 360  
ccccaggtgt gactgagtg accatcatag aaaagcctcc tgcgaacgt catatgattt 420  
cttcctggga acaaaagaat aactgtgtga tgcctgaaga tgtgaagaac ttttacctga 480  
tgaccaatgg cttccacatg acatggagtg tgaagctgga tgagcacatc attccactgg 540  
20 gaagcatggc aattaacagc atctcaaac tgactcagct caccagctc tccatgtatt 600  
cacttcctaa tgcacccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgatg 660  
atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720  
atggcagtg gaaagtttgc cttgtctaca aaagtgggaa accagcatta gcagaagaca 780  
ctgagatctg gttcctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac acctttactg 840  
25 cctattaccg cctgtctatc acccacctgg gcctgcccc gtggcaatat gccttacc 900  
gctatggcat tagccacag gccaaagcaat ggttcagcat gtataaacct atcacctaca 960  
acacaaacct gctcacagaa gagaccgact cctttgtgaa taagctagat cccagcaaag 1020  
tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag 1080  
gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtccctccac ttctccact tctaaatcct 1140  
30 cctctggctc tggaaacccc acccggaagt gagcaccct ccctccact ccctaccagc 1200  
tccagagtgg tggtttccat gcacagatgg cctaggggg gacctccagt tttgcgtgtg 1260  
gaccgtaggc ctctttctag ttgaatgacc aaaattgtaa ggcttttagt cccaccgaca 1320  
ttagccaggc tcgtagttag gcctccagag caggttgtgc tgtcccctgc ctctggaagc 1380  
aatggggaat gtggaatcaa gacaatgcc aaaaaatttt taatgcagct ggctc 1434  
35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40 (A) LÄNGE: 914 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

**(A) BIBLIOTHEK: cDNA library**

gaaaatccag	gggtgaagaa	tagatctgtg	gtggcagggg	tgggaaaggc	ggggaggatt	60
tgctactga	ggggcagcac	aagagaattt	tgcggggcga	tggatctgtc	tgtatcttga	120
ccatagtgat	gatacatgac	tgtgcatttg	tcagaactca	caggactgaa	tgaaaagaga	180
agtgaatttt	actgcatgtg	aattgttaaa	ataaatgcta	gacagtattt	taaaaatcaa	240
gcccagatcc	tgcaagacat	tatggctccc	caccagaagg	ggagagacgg	ggaaagagaa	300
gtgtcccca	agttaaccca	cgttccctgg	gaccacacct	cctcccccac	gccacttccc	360
accagcccca	cgcacgggcc	aggcccttcc	ctttgcagct	cacagcccac	cagatgttag	420
qtcaaatgc	tgccccctcac	ttgactaaag	gtttacagcc	agcaggggtg	gaatgaacc	480

agatattaac accccctcct ccatgccctg cccaccttct gggccagtac cagtgaaggc540  
 aggaagccac ttctcccacc cccaggtgtg tcccaaagcc ctggaagaac ccaaggaaag600  
 gcaggagcca agttgggagt tgaccttgat gaccaggggc cagttggccc agtttccctt660  
 gttagttgg ggggagggaa ccctt 685

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2646 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

30 ttaatttaat agctttcatg tgattaaaaa tagctaacta gactcaagga ttcacaatat 60  
 ttaggtgtat tttcaatacc tccagaaagg aaacctcagt taatcagagg aaatagtttc 120  
 agtcttcatt tgagcatgtc tttccatctc aaaaaaatac tcttagtagg ttggagtga 180  
 gatagcaagg ttttgaagca tatttgtcct aatccacagt gacacttttt atcttccagg 240  
 agcactccta ggaggttccg tgcctaataca atgttgactg ctttgcagat ctcaagggaa 300  
 35 taaaatgaca aaagcaggga aggttacaga ttcaaacagc attttaactc atgttgatct 360  
 ggataattaa tcttttctaa agatgtgtag tttcttgaa aacagtata tcacatgatt 420  
 aaaattacat ttttatcaac ataattgtct ggaaaagata agccctcaa ttttctacca 480  
 gttgactttt attcattaga tacagaaggt gcagtattac acatcaccag ctgcctttgt 540  
 gaatggtc caacacagcc attgggttac aactgtgtgc atgggcagaa acagcaagt 600  
 40 cctcattgt ggtcattggg tggggagtgc cttttgtcaa ggagtctgca ggaattggct 660  
 tatttctgta tgccaaagt atcaacacac caaagtctct gccataaaga atgtggcttc 720  
 ctgcatcct ccactctgtt actctgggcc cagtaatttg atgtaactgt ctgattgtac 780  
 tagagacagg agtatacca gcttattcat aatcaagtaa agagactcag attagatttg 840  
 atttttttagc ctctctaga gccaatcagg cagttaagag taataaagga aaagggttg 900  
 45 gtcacaaacc ctaccattat ctggagatta ctctctgtc cactctgtc ttgccatgca 960  
 cgtcttgccc cctcactttt gctcagccta gcagtctact tcactttatt gccttgtaag 1020  
 tgtcaggcct cctgggcgct ctggaaaaga caggagacca ggccctctca cccctactgg 1080  
 taacaggta ttgctgggtg cacaagaggg aggtgatttg catcatggct atgctgcatg 1140  
 ggcttcactg ggatgtgtt aaacaccaga ggagccaacc tatcagaatc ccagcagca 1200  
 50 aggaaaactc agattttaga ggctttttac aataaagtag cgtaactcta ggtcatgatt 1260  
 gatttcaa at gctgccatg aatgatttgt aagtaattat gtaggatcca tcaaagcagt 1320  
 attgtaggct tttgaattgt cccagtggat cggggacccc atttactgt ctctcttgat 1380  
 cgtgtta atg atgcaatcag agttcaagac aggcccatg aagtctgact gcactgggat 1440  
 ggagaaatga atttcttccc actgaaggaa actctttctc attcgagacc aagacgggag 1500  
 55 tgccactgtt cctctcttca ctcttgagat actgcttctg gaagcgggtg tcacttctct 1560  
 tctagtacct ctctcttct ctgaagtgtg tgactatctc ctagtgttta aatttgagcag 1620  
 ttactcgcca tgtatgtcag catagaaaag gaaatgtttt taccttatct cctgtatgta 1680

```

t gatagaact taaaagaaat gtgcatttgt tttcatagcc ccagcagaga aaatcctctt1740
c atagattaa atgtgctgct gtggacagga gggaaaaaaa aaccctctac atattgaaag1800
g caccaaatg taatatctga cactgttaag atgccccaaa gagcaaagtt gtagtggaga1860
t gcagggtca tttcccatg ccatccacag tgtttgttag tgagccacg gctgacttgc1920
5 agtgataaag aaaagcatgg agctgtgtct gcagacaatg gtggctgcat ctgtaagtgg1980
c ttcagaggc agcagccctg gggaaattga tgggtgtggc agtggacctg tgaagaggga2040
g aatctagcc ttcagcctgt ccagtgttaa ccactagaga aactgagctt tataccttt2100
t ttaatgcct gtgaatttta gcatattgaa acattagagc aaatactcag gggatttttc2160
a ttaaacatc cctcagataa tttagctata tatcattaga aagggaagc tatcattttt2220
10 attttaaaac taaacaaggc catcttataa actgtcacca aagtcttccc tttttattg2280
c atgtgtgcc ttgaatttca taaaacatta attcacaatg ggggtcagaa tgtactcttg2340
t tgaaacact tcttgtacca ttttatgttc atattatgtt tgagagggtg aaaatgtatg2400
a gcagcttaa ctgaagtaga actattcatg atgcttttca cacattgttg cataagatgt2460
a aagtttgta ataatgtta atttctgtgc attttaatat tcttttataa ttattaatgt2520
15 taatttctgt gcattttaat attcttttat aattatgagc attttaataa attcattttt2580
a caaaacata aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggaagggaag aggaagagg aggggggaag2640
a ggaag
2646

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2667 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

t tatcttgga agtctgtgta tcaaatgaa gaattcagat ggtaggaggt tctatagtcc 60
45 ttttaaagct gactcttgag tgtcagttga atatccatta aattggattt ggaaataacc 120
t gaggaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatag gtggcaggcc 180
t gtggggttg ggttctccct ctttctctg gaacatatga caattccaga ttaaagaaaa 240
a tgtttttta ataaataccc ttggtctttc ttctagtcac ctttgaggta gatattgtga 300
t tttctggag tatagtatat ccgtgtctct gtgtcttagg ttactagat gcaataatac 360
50 ttctctttga catttgtagt gaagtgattt gatattaagt aaaacagtta atgtttgaat 420
a taggcata tttataggttt ttccgctcc ccccaacc acccttttta aaaaatctat 480
a caaagccct tgtttgagtc tcatcatgca catcaaatca tggagttagg tcttctctga 540
g gtcaggga acacaagtgc acagagagag atgtcttgag ggtcactacc aaagaattac 600
c ctcattgtc cctcactcag gccatgtgta catgcgatgc tgctgagtgt gctggggtgg 660
55 gtgggtggcca cgtggctccc ccagagcact tcctaactgg caagctggga gaccattac 720
t ggtgaactt tgtggaaatt agaactgtat cttttacata atcttggcat attacatttc 780
a taataaaaa catacattta gttgcatgct acatcactat tgattttata attaatttct 840

```

```

taagcttcaa ccatgtttta taccttattt cgttacatca tatatttgta atgtgtaata 900
tgaaatcttt tgctttaatg tcttttttta aaatgtagaa tggctctaac ttgaaaggca 960
attgaatgta gtatgatgaa aatgtgaatg ttttgctgct ttcattgacca aagatacagg1020
gctagtggac atttagaata ataattaaag ctagagtctt gtatgtcttt tctttgaagg1080
5 agttctaacc ttgtaaattg agaatgactt cagagaattt tgattaagaa aacattaaaa1140
tcttaaccgg cacaacact ccaatttttt tcaactgtgaa gcgcaagca attttttttc1200
tttttctttc aaaagcctgc cttctgaatt tatttcttgt ttaactcatt cagagagggt1260
agtaagaag atctatttct ggtagtcata tcgcttgaaa ggtattggta aatgtgtttt1320
cagtcgtgac catgtggaaa gtgaacagtg ttggcaaaaca ttaccgagaa aatcatgctt1380
10 ttcaagatgc ccttgctttg ggaatcctt cctagggaga aaaaaaaaaa gtattttaac1440
aattgtgaat tccatttctt atttcagttt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat1500
aattcccagc atttatgttc tgttgattc tccccttagc ccagtaacat ttttatctaa1560
taccatttc cccaagttt gagacagatt gacccctac tcattatgtg gctctagttg1620
aattttaaaa tgtggaatat tgggcttgca ggcagtagga gctgcaaatc tggtagagt1680
15 ggagtgtgga gttaatggtg agtatgttaa taaagggaac ctgtctctga cagaatctca1740
gtaatgttta ccaaaacatg tctttctaca gctggttaga taaatgatgc taccctgtag1800
ctcagctaca ggcgtcagtg caaaccttct tccatccag agaaagcaga attccctct1860
agtaacctca ttacaaatac tgttactaga agggcatgtg ctgtctgtca ccttcagtaa1920
tatttgtgcc atctcttgat gactgatgac ctggatcgag tatttctatg aagggtcttc1980
20 ttagggccct tacatacgca agaggggtgc tctagtcca tagctgtagt tcacaggaag2040
gacaccagga gaagtatac ctagggtac tgagcagctc atcatccctg tttctgcaca2100
gtttcctgaa actggccatc agggcctctg aggcactcaa atcagtttac ttttagcatg2160
cccccatcag ggtgggtctc actgttagtg aggatacggg tctggttga tgtttttcta2220
ggcāaaatgc ttaagtgttc tggttatgcc attcattcat acgatgtgtg aaatttgctt2280
25 aaaagggaat tttcatgatt tgatttagat tagtatttaa atatctgctt tagatagcaa2340
ttaattttat tgtaaaaaata aggaaaaata tgtgaatatg tgaatttttt aagcctgaga2400
gatgatagaa tgttccata ttttcttgt aaagaaaaata atattttaac ttacacatcc2460
tgtagaaaat accacctttt ccccttgat tacagtacaa tgtttacatt actatactgt2520
caagctgaaa gtataaaaaa tgtacatata cattttgagt tatgtatcct ttttttaaaa2580
30 aaagggtcgg ggctgtggca ctggctgga catgactaaa gttgacagag gctatgctag2640
atttataatc actagtctct ggacttg
2667

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

35

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 544 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

```

catctgtgca tggatgagtg gccgactttg gagcccaggc tgttacttcc tggctctggtg 60
gtgaatcctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctgg120
cacacagtat gcactgagga aatacttgtt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact180
5 taaccttggga attaatattg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg240
tgattagacc cccaagacac tgggctgtct gcttgtgtct cgggtggaac agggccagcg300
agagtcttta gggccagaa ccaaggaatt tattgagcca tggcaaacad gcagtaaaca360
gccattcttg gctgctgtat tgagaagaga atgtggtgga cagatataga agcatggaaa420
cctgataggg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgga cctgttgaag480
cagtagagtg ctttccaggg aggagaaagg acctgaaggt taatttgatc accatgggccc540
10 atga 544

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1340 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

gtttgatact ttcttgcact taggtttgtc ctattcttca tttattcaga ctaggataga 60
aaatttttga atcagaaaat agatccagtg tttagctaca tacaatctag tacaagtga 120
tttttattct taaacatagg tgtgttggtc ctttttttaa aagatgcgct ctacctgaa 180
40 aggaaatttg attttagaac tggatgtggt gcagtgaagt attttaggcc caggctctgtg 240
tacacatttt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tggttgcctt ttcatttcaa 300
ctgtgttttg aatttgtcag atcacacata tatttgttta ttgggcgctg tggatatctt 360
tataaaacct cttgcttgtg tgcaaaagt cctaaaagga aacacaagta atgcctatcc 420
attactagca tgctatgctg catgctttac tgccattgct gtatgcttta ctgtctttgt 480
45 aaaaatcccc ctctccccct ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttata 540
tttcaccccc taagtgcaga atcagtaatt ccttggctta aagctcttat ataataca 600
ttattggtgg taaataccaa gtttggtatc tcatagctat ctttttttaa agaaattaa 660
ttcttgaaaa tttagccaaa tcccgtttta tgggaatgct ctttagaatt cattttgttc 720
agcccccttg ttctatggtt gagaaatctg aggccttacg aaggttaaga gaactttccc 780
50 cgtgtctcac aggtaggtag aggcagagct ggaactagat atctggtctg ttgactctag 840
ctcagtgctc tctggtaact gttgaaaatt gtcttagttt gagagatggc tgaaataatg 900
aacataaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat ttcttattgt aagactacta 960
ccggcttact gttgaatagt ttggttatag tgtttaggct agaaatgcct cccacattgg1020
taataaacat tacaaaatc aatgtatttt taggtaggca ttttataaaa tgcattatgc1080
55 catggttgct tttgagatag attgtagtct gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggctt1140
aactgttggt catatcagga gatgctctga ttgtataggt gagactctgt ttctgttatt1200
tttaattgct gtatgaaatg tgatcagatt attttactac caacagttat agtttgaaag1260

```



tccaactgta ttaattgact gataatatga taatatagag attaaattgt ttgtcttcat1320  
 tccttaaaaa aaaaaaaaaa 1340

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

30 ggatatgaat aaattgttaa tataaagtcc tacagaaatt aatttatgaa atttctctaa 60  
 atcacacaaa acttaaacat agatgactac taccctgaga ctgaaaaata tgttctaatt 120  
 tatagtgcta tttttgggca gttttgggtg cagaatacct atcaacacat tcttttttta 180  
 ttaggaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaagtg ataaaaatcca ttagttttta 240  
 agtcttctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcggt tttaacggga 300  
 taataatgct atgtctacat aaaatgattt ctaccacctt aaatagctca ctgtagaaat 360  
 35 tcatgtataa atggaacat atagtacata catatcatat tcttaggtct ggcaaatatt 420  
 tgaggttcat ccataattta tttcactca tcagtagttg taaacacatt cttaaagtag 480  
 cattttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggtaaggga aatgggtgag 540  
 gctttcctaa gtgaagtgtg aaaaccacag ctttcttttt aatgggatgt ctaatatgca 600  
 tttatctgtt caagcatttt aagatttcca tgaaaatgtc ctgaaaaatc aagattcttc 660  
 40 attgaggggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttgaat 720  
 tagataacct actataatca tggatgttct tgaatactta gcaaacatac cagcatccca 780  
 aagtcaccaa gataaacctt cctactccaa catcacatga tcttctaatt ctacctgtaa 840  
 aaataagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cacctagaaa 900  
 aaaaaatagt tcattatgta gagaaatgct ttttttagta catagagaaa taaaaaatc 960  
 45 agatactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaacca1020  
 tacaatattg aatgccgggc gcaggagta ttttcaacat ctaaaaatcc taggagctta1080  
 agggactaga atgaaaaaaa agaacctaga ttgagtaaga aagtatttca ttttgggggtg1140  
 ctttgcaaaa aatgacaata caccatttct tttctttagt ttgagggttt aaactagagt1200  
 atgtgccacg tgacaacctt aatcagcttg cggtgtcttt gtccaccttt ggtatgcagt1260  
 50 ctgaatcttt aaatccgaaa accttcaaaa ttggaccgga aaacctttaa gcagtagggt1320  
 aacttgagc tgtatcttaa tttgctaata aactgacttg gaaataggat aattcatttt1380  
 atgagctctt taaatgagtt tatttgggaa tatgcctatc attggaattg aaagcagcat1440  
 agcttgcttc agtaactcca ataatttggg aagcagaaat ggaaaaagta atttgagtca1500  
 tgtttgctta tgtagtgcg tttaaaattc ccctagtaat tacctttcat attttattaa1560  
 55 ctaggttaac atcaactgtg gttgtaagag taaatgtttc accttaagat aaacatgggc1620  
 aatatattaa actctagtct gttttcttgc ctgtgaagtg aggctgcact tgattatatt1680  
 tgattctttg ttcgtaatac atgggaacga cagctaagtg tggtgaaaaa cgcggggatc1740

```

caaagagctg gatttttatt tcagatctgc cgctaacttt tgtatcctat aggctacttt1800
tatttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttgggt taaatgaatg aagttccttc1860
aagtgcataa attctttttc tacagtcttc attggattta tgtatttctt attcctaata1920
5 tgtttaactg ggatgtctgt cactctaggg cggcaagaca gacatttaaa agtaacagtc1980
acactgctga actggcattt ctgttaacac aaaagtttag aaaactcacg gtaactgtta2040
cttgatttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgctt ttaaaaggaa ccactgtcca2100
tttaaagggt tcatagtatt cttcaatggg ttagtattgt ttggggcagg acattaaact2160
agaagggatt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag2220
attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat2280
10 gaagatatcc ccattgtatt ccggcccat gtttgcctt tttggctcca gcatcgtgtt2340
tgggaagaggc caatgtgcc tggtcccta ataaag 2376

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 225 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

40

```

cayttgtgaa gttttgtaaa atggtcaccc aacttaaaac taggaaatta cgaagaagag 60
aaaattgccc ggtatctgtt aaggctctgc tgtagatctg ctgtagggct tgtcaccatt120
ggaagcaagg tctacttca gtggcagatc ttgtggcctt tgagtggctg aagaccacca180
ccctgcacag ggctggggcc atgcacagge atccttcctt acctt 225

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1967 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```
15  acgggcgggcg cccgcgctcg cdggccactc tctgctgtcg cccgtcccgc gcgtccctcc 60
    gacccgctcc gctccgctcc gctcgccccc gcgcccgcgc tcaacatgat ccgctgcggc 120
    ctggcctgcg agcgtgqcg ctggatcctg cccctgctcc tactcagcgc catcgcttc 180
    gacatcatcg cgctggccgg ccgcggtggt ttgcagtcta gcgaccacgg ccagacgtcc 240
    tcgctgtggt ggaatgctc ccaagagggc ggccgcagcg ggtcctacga ggagggtgt 300
    cagagcctca tggagtacgc gtggggtaga gcagcggtg ccattgctct ctgtggcttc 360
20  atcatcctgg tgatctgttt catcctctcc ttcttgcgcc tctgtggacc ccagatgctt 420
    gtcttcctga gagtgttggt aggtctcctt gccttggtg ctgtgttcca gatcatctcc 480
    ctggtaattt acccgtgaa gtacaccag accttcaccc ttcattgcaa ccgtgctgtc 540
    acttacatct ataactgggc ctacggcttt ggggtggcag ccacgattat cctgatcggc 600
    tgtgccttct tcttctgtg cctccccaac tacgaagatg accttctggg caatgccaa 660
25  ccaggtact tctacacatc tgctaactt gggaaatgat gtgggagaaa atcgctgtg 720
    ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg actttgaacc cattttttgg 780
    cagtgttcat attattaaac tagtcaaaaa tgctaaaata atttgggaga aaatattttt 840
    taagtgtgt tatagtttca tgtttatctt ttattatggt ttgtgaagt gtgtcttttc 900
    actaattacc tatactatgc caatatttcc ttatatctat ccataacatt tatactacat 960
30  ttgtaagaga atatgcacgt gaaacttaac actttataag gtaaaaatga ggtttccaag1020
    atttaataat ctgatcaagt tcttgttatt tccaaataga atggactcgg tctgttaagg1080
    gctaaggaga agaggaagat aagggttaaaa gttgttaatg accaaacatt ctaaaagaaa1140
    tgcaaaaaaa aagtttattt tcaagccttc gaactattta aggaaagcaa aatcatttcc1200
    taaatgcata tcatttgtga gaatttctca ttaatatcct gaatcattca ttttagctaa1260
35  ggcttcctgt gtaaggcttt cctttaagtg tgaaatattt agatgaaatt ttctctttta1320
    gccatagttg gtaaggcttt cctttaagtg tgaaatattt agatgaaatt ttctctttta1380
    aagttcttta tagggttagg gtgtgggaaa atgctatatt aataaatctg tagtgttttg1440
    tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaatttatc1500
    atgactgata gatctggtta agttgtgtag taaagcatta ggagggtcat tctgtcacac1560
40  aaagtgccac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg cttttctaaa tctcagggttt1620
    atctgggctc tatcatatag acaggcttct gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac1680
    atatagttaa aatcctggtc tttcttggtg aacagatttt aaatgtctga tataaacat1740
    gccacaggag aattcgggga tttgagtttc tctgaatagc atatatatga tgcatcggat1800
    aggtcattat gattttttac catttcgact tacataatga aaaccaattc attttaaata1860
45  tcagattatt attttgtaag ttgtggaaaa agctaattgt agttttcatt atgaagtttt1920
    cccaataaac caggtattct aaacttgaaa aaaaaaaaag tcgacgc 1967
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 612 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

15

```
cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgctca 60
ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
ctgactgagt gcctgacggt ggaccccttc agtgccagcg tctggaggca gctgtaccct180
aagcacctgt cacagtccag ccttctgctg gagcacttgc tcagctcctg ggagcagatt240
20 cccaagaagg tacagaagtc ttgcaagaa accattcagt ccctcaagct taccaaccag300
gagctgctga ggaagggtag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
aagggcctgt tgcagcaggt tcagggtcct cggtgccct ggacgcggct cctcctgttg420
ctgctggtct tcgctgtagg cttcctgtgc catgacctcc ggtcacacag ctccttccag480
gcctccctta ctggccggtt gttcgtatca tctggcttct tacctgctag ccaacaagcg540
25 tgttccaagt ttactcctac agtctgcaag gttacaggtt ggttggggga gaaatgccgt600
tttgggggtc ca                                     612
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```
tttcggcaca gcatgaatgg ctgcgagaag gacagctcgt ccacagattc tgctaacgaa 60
aaaccagccc ttatccctcg tgagaaaaag atctcgatac ttgaggaacc ttcaaaggca 120
```

cttcgtgggg tcacaggccc aaatattgag aaatcagtga aggatttgca acgctgcacc 180  
 gtttctctaa ctatatatcg cgtcatgatt aaggaagaag tggatagttc cgtgaagaag 240  
 atcaaagctg cctttgctga attacacaac tgcatcattg acaaagaagt ttcattaatg 300  
 gcagaaatgg ataaagttaa agaagaagcc atggaaatcc tgactgctcg tcagaagaaa 360  
 5 gcagaagaac taaagagact cactgacctt gccagtcaga tggcagagat gcagctggcc 420  
 gaactcaggg cagaaattaa gcactttgtc agcgagcgta aatatgacga ggagctcggg 480  
 aaagctgccc ggttttcctg tgacatcgaa cagctgaagg cccaatcat gctctgcgga 540  
 gaaattacac atccaaagaa caactattcc tcaagaactc cctgcagctc cctgctgcct 600  
 ctgctgaatg cgcacgcagc aacctctggg aaacagagta acttttcccg aaaatcatcc 660  
 10 actcacaata agccctctga aggcaaagcg gcaaaccoca aaatggtgag cagtctcccc 720  
 agcaccgccc acccctctca ccagaccatg ccggccaaca agcagaatgg atcttctaac 780  
 caaagacgga gatttaatcc acagtatcat aacaacaggc taaatgggccc tgccaagtgc 840  
 cagggcagtg ggaatgaagc cgagccactg ggaaagggca acagccgcca cgaacacaga 900  
 agacagccgc acaacggctt ccggcccaaa aaacaaagtcg gtgccaaaaa tcaagaggct 960  
 15 tccttgggga tgaagacccc cgaggccccg gccattctg aaaagccccg gcgaaggcag 1020  
 gcacgctgca ggacacctcg ggagggccag gggcctttcc ggggttagtt ttcggttagg 1080  
 gggtttcaca gttgcatttt tttgccccca cggaggatta ggaagttttt ccacagatgg 1140  
 caggcatttt ttttgagttc cccggttttt gacgttttgg ttg 1183

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 891 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60  
 45 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgcccg gactccgctc agtttccgggt 120  
 gcggcgaaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggg ttctaggggt gttacgaagc 180  
 tgcaggagcg agatggaggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag 240  
 cggcgaggct ttacgagggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca 300  
 aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcatcct tttcgatgtg 360  
 50 gtggtgtttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa 420  
 gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac 480  
 tctcaataga agaatttcac atctccaagg gacccttctt ttcattttac actttgttac 540  
 taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcacca ttcttagcta agttcttaaa 600  
 attaaacctt ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg 660  
 55 aatataaaag catttgact taaaggctt gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct 720  
 tttaatgttt taagagttga tcagggggtt actatggatt gcaagtaata gggatgatta 780  
 ataaggggaa ggtttttatg gaatttcaaa agtcaattta tttcaaaagc gggggaaagg 840

gttttgagag gaggggggcc caaggtgttc ctggggtttg ccgagggagg c

891

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:**

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 482 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
20 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

tctctaaata gtaccttttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcaccga 60  
gcggtttata attcattcag ttttccaggc caggcagccc gctatccttg gatggccttt120  
ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaacc ccacctcaa tagtaatttc180  
30 ttggacttga atctcccgcc acagcacaa acaggtcttg gagggatccc tgtagcaggg240  
gaagaagagg tgaaggtttc gacctgcca ctgtcaacct cttcccattc attacaacaa300  
ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360  
attagactct ggggtgcttg catgggcaac tggatttttg catgattcct ttatgatttt420  
gcttttaatg tatacaccca gaagagcaa tataaacgtt cctcatgcct aaaaaaaaaa480  
35 aa 482

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:**

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 610 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

10 ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaatgcg cggagacact gaccttcagc gccfcggctc 60  
 cagcgccatg gcgcccctcca ggaagtctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg 120  
 gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccaaagtgc cggccgacac 180  
 cgaggtggtt tgtgctcccc ctactgcta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc 240  
 caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga 300  
 gatcagccct ggcattgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggtcctgg ggcactcaga 360  
 gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct 420  
 15 gcagaggga ctcgagtaa tgcctgcata tggggagaag cttagatgaa agggaagctg 480  
 gcatcactga gaaggttgtt ttcgagcaga cagagggtca tcgcagataa cgtgaaggac 540  
 tgtggcaagg tcgtcctggc ctatgagc ttttttgggc catttggtgc ctggcaaggc 600  
 cttcaaacag 610

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2072 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

45 gggtcattgta ggtacaacag caaccaagaa gatcgatgac tacctgccct ctgcactcga 60  
 gccaggacag actgctgcca atgaccgtgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120  
 tgatcgggct catctgctgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180  
 atgtcagtg ctagtgctg catattgctg aggatgatgg ggaggtggac accgatttcc 240  
 ccccgctgga ttccaatgag cccattcata agtttgctt cagtactttg gccctggtt 300  
 50 gaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtcac tctttgttcg aataaatgct 360  
 gctcatggat tctcccttat tcaggtggac aacacaaagg ttaccatgaa ggaaatctta 420  
 ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagttt caggccctca gtaccgcctg 480  
 gagaagcaga gcgagcccaa tgctgccgtt gacctggaca gcactttgga gagccagagc 540  
 gcatgggagt tctgcctggc ccgcgagaac agttcaaggg cagacggggg ttttgaggag 600  
 55 gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatattgctta gcagccacca ttacaagtca 660

```

ttcaaagtca gcatgatcca cagactgcga ttcacaaccg acgtacagct aggtatctct 720
ggagacaaag tagagataga ccctgttacg aatcagaaag ccagcactaa gttttggatt 780
aagcagaaac ccattctaat cgattccgac ctgctctgtg cctgtgacct tgctgaagag 840
5   aaaagcccca gtcacgcaat atttaaactc acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900
ctctactttg aatcggacgc tgctaccgtc aatgaaattg tgctcaaggt taactacatc 960
ctggaatcgc gagctagcac tgcccgggct gactactttg ctcaaaaaca aagaaaactg1020
aacagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat ccgggcagca gtgacactgg1080
cctccagcct caatctgttc cgtagctcag agcctgcctg ccagggccaa gtgccctaga1140
gcccaccccg tgctcctgaag tcttcggggg gaggccagcc cctgggtcac tggcacaggg1200
10   caggtgggct ctccggggaag gtgtcggggg ccccttagga gggagcgctg gggacattgc1260
catgggacgg aagtctgctt ggcagtggct ttgataagcg atgcttgggg gtcagaccac1320
cccctagagg agccacgtgc cggccagcca ccttcaatgc ctgccaccct gcccgaggat1380
gtacagagcc gtgcccacac atttccttgc aacttgatca aatttcttaa agcaaacaac1440
aaaaatgtac atttctgttt ttctttttaa taacaggtg tactctttat catggttggt1500
15   atgatggacc attctttggg gcggaggatt gattatgtta ctctctttaa aatctgttcc1560
catattgaac aggcagattg gaaaagctat ggttcgattt ctccagaaga atgtttaggt1620
cttagtcaat agttttaact atgccatttg tttaaatgag tgcatttgct tcgagggtag1680
tgtcttacta aaagttagga acagagacct agtggtgtgt ccaaggccgt gtcactttcc1740
ccttcagcac accccagctt ctgacctcag agccagagg ctgcgtggac agtggtgggt1800
20   gccaggagga ggggcggtgg ctggctcctc ggcacgctgc actcccagcc agacatgggt1860
tttccgtttc ttaagtagca agtgtaggtt tcagctggca gttccacctg catgttctct1920
gcttcgctgc cttggaaggg gccacattcc ccattcctct tctccttaca gcgcctgcct1980
cctttttaag caggcggaag gctgctgttt ctacagtttc agggagaggg gtgaccagga2040
gactgtgtcg tgcgtcggtc ctgggtggac ag
25   2072

```

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:**

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129
- 50 tttatggagt tagagcaggg gaacttaaaa acaaaagtgt atttaataac ttcatgagac 60  
tgtgataacc agtttatatt tgaatatat acagcacttt gggagactga ggggtgaccc120  
tgatgtcct ttgcacagt atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat180  
tttgcttaac ttctctttta aggataactt tccatttgat cctccatttg ttcgagtggt240  
55 gttacctgtt ctctcaggag ggtatgtatt ggggtggagga gcattatgta tggaaacttct300  
cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcacatgc aaataaatgc360  
caccttagtc aaaggcaaag ccagagtgc gtttggagca aataagaatc aatataatct420



agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta480  
 caccctcca aaggaagatg gctaaatatg ttgactgttg tatgtttgga ctaatgttg540  
 tttaaagaaa atctttccaa catgcagaca aaagctttga gtgcccctat tacagcagta600  
 5 ccgaagatgt tagttaatag atatttttagt ggataatctg tcatctgaca tccagtataa660  
 gttacagcct tcgcattttg ctcatttttag atatcttgga ctgagcagtg gggcctttac720  
 tgtatttttc ctgataaata cacatactgg ccactcctta tctctttttc ttgaaaagt780  
 aactttttaa aggcagccaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt840  
 aactttccta tattgagccc atgggggttac aagggtttgg caatatattg ttccctttta900  
 cagccaatac aggttttaat cggatgtttc aatattgggt ttaggggatt ttaagggccc960  
 10 tcttaagtca taatagcct 980

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 792 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

ctgtttggca gggcggggcg cctcggaag atggtggcgc gcgcggcgtg tggctcccgt 60  
 cgtctggcca agtctcagcg cagcaaccg gccggcgtct cgttggcctg gagccacac120  
 ccaccgggtc cctgaccccg cgcccccg gcccggttcc cggcatgcct cgcgcccgt180  
 40 agggaaacac gctccggaag ggtggtcagc gccgtggagg aggtgcccg agcagtggcc240  
 aagctgactc ggggtccagt gacgatgagg cagccagtga ggcccgcagc accgccagt300  
 aatgccccag cttctcagc accactgcag aggcagcct tgggggggat gtcgtggat360  
 agcaagggcc agcaggaaga ccttgaggaa aagctgaagg agtatgtgga ctgtctcaca420  
 gacaagagt ccaagaccg gcaggtgcct cttgagagcc tgcgcctggc cctagcgtcc480  
 45 cgcctactcc ccgacttctt gctggagcgc cgcctcacgc tagccgatgc cctggaaaag540  
 tgccctcaaga aagggaagg cgaggaacaa gccctggctg ctgctgtgct aggcctgctc600  
 tgcgtgcagc tgggccctgg acctaaaggt gaggagctgt ttcacagcct gcagcctctg660  
 ctggtctctg tgctcagtga cagcacagct agccctgctg cccggtccca cgtgagttgc720  
 ctgtgcccc tgaaccctt cctgcaactt atccctcagc agagtgggtg gttcccccta780  
 50 tcttcagcct cc 792

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

## 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1092 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

20

```
gtgggtcccc cgggttccgg cgcggttgag gccttcggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60
atgtctgggt tgtctggccc accagcccgg cgcggccctt ttccggttagc gttgctgctt 120
ttgttctctg tcggccccag attggtcctt gccatctcct tccatctgcc cattaactct 180
cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaag gacctgctag tgactggcgc gtacgagatc 240
25 tccgaccagt ctgggggcgc tggcggcctg cgcagcacct caagatcaca gattctgctg 300
gccatattct ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgccttt accactgaag 360
attatgacat gtttgaagtg tgttttgaga gcaaggggaa agggcggata cctgaccaac 420
tcgtgatcct agacatgaag catggagtgg aggcgaaaaa ttacgaagag attgcaaaag 480
ttgagaagct caaaccatta gaggtagagc tgcgacgcct agaagacctt tcagaatcta 540
30 ttgttaatga ttttgctac atgaagaaga gagaagagga gatgcgtgat accaacgagt 600
caacaaacac tcgggtccta tacttcagca tcttttcaat gttctgtctc attggactag 660
ctacctggca ggtcttctac ctgcgacgct tcttcaaggc caagaaattg attgagtaat 720
gaatgaggca tattctctc ccaccttgta cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780
cctggcctaa ggcacacctac caacagcacc atcaaggcac gttggagctt tcttgccaga 840
35 actgatctct tttggtgtgg gaggacatgg ggtaccacct acaccaaca agtcaatgag 900
ggacttcttt ttaatttggg aggattttga ctggttttgc aacaataggt ctattattag 960
agtcacctat gacaaaaaat aggggggttac ctagataatg ccaaagtcag catttgtccc1020
gggtcccctt gtgggagctg tgggacgatg ttttcttttc tgcccctttt ccggagcgtg1080
gggggccaaa ta 1092
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1523 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

10  
ctcatgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60  
atgcaagaga tggagggtta cgtggagAAC atccgcagaa gtttggggtt ttttaattact 120  
ctccatttag gacaccctac acaccaaca gccagtatca aatgtgtctc gatcccacca 180  
acccacagcg cggaactgcc aagatagaca agcaggagaa ggtcaagctc aactttgaca 240  
15 tgacggcatc cccaagatc ctgatgagca agcctgtgct gagtgggggc acaggccgcc 300  
ggatttcctt gtcggatatg ccgcgtctcc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360  
gtcccgacgt ggagcaggat gctgagaaga aggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420  
aggagtccat ggacttccag ggataagagc acagcttcac cagccatcca ccaagacggg 480  
acaagcaggg agtttatccg gcagcccaaa gcccttctct cctcaactgt cagctcctat 540  
20 cacgacgaaa acggacaaaa cctccaccac cggcagcatc ctgaatctta acctggatcg 600  
aagcaaagct gagatggatt tgaaggagct gagcgagtcg gtccagcaac agtccacccc 660  
tgttctcttc atctctccca agcggcagat tcgtagcagg ttccagctga atcttgacaa 720  
gaccataag agttgcaaag cacaattagg cataaatgaa atctcggaag atgtctatac 780  
ggccgtagag cacagcgatt cggagattc tgagaagtca gatagtagcg atagttagta 840  
25 tatcagtgat gatgagcaga agtctaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900  
ttgtcagatg gacaaagagc catctgctgt taaaaaaaag cccaagccta caaacccagt 960  
ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc 1020  
agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaccttct 1080  
acctcacccc ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcca 1140  
30 tttgggctcg gactctgatt cagagagcga acttgtcata gatttaggag aagaccattc 1200  
tgggcgggag ggtcgaaaaa ataagaagga acccaaagaa ccatctccca aacaggatgt 1260  
tgtaggtaaa actccaccat ccacgacggt gggcagccat tctcccccg aaacaccggt 1320  
gtcaccgccg tcttcgccc aaacttcgcg ggctggcgcc acagccacca ccagcacgtc 1380  
ctccacggtc accgtcacgg ccccgcccc cgccgccaca ggaagcccag tgaaaagca 1440  
35 gaggccgctt ttaccgaagg aggactgccc cgccgctgca gcgggtccgt gtggaactca 1500  
tcaagtaaag tttcaaactg cct 1523

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2241 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

```
5      cgccgccc aa ggcgcaga ag ccgagctggg aaaagggagg cagaggaggc ggaggcagag 60
      gcagaggcag agcccgggtgc cgagaccaag cgacagaccg gcgggggctgg gcctcgcaaa 120
      gccggctcgg cgagctctcc cgacaccgga gccggggagg aaaagcagcg actcctcgct 180
      cgcatccccg ggagccgcac tccagactgg ccggtatgtc aggggctcag gagcagatcc 240
10     cgaggcaggc tttgctcagc ctccgacgag ggctggccct ttggaaggcg ccttcaacag 300
      ccggaccaga caggccacca tgaccgagaa ttccacgtcc gccctgcgg ccaagcccaa 360
      ccgggccaag gctccaaga agtcacaga ccaccaag tattcagaca tgatcgtggc 420
      tgccatccag gccgagaaga accgcgttgg ctctcgcgc cagtccattc agaagtatat 480
      caagagccac tacaagggtg gtgagaacgc tgactcgag atcaagttgt ccatcaagcg 540
15     cctggtcacc accggtgtcc tcaagcagac caaaggggtg ggggcctcgg ggtccttccg 600
      gctagccaag agcgacgaac tcaagaagtc agtggccttc aagaagacca agaaggaaat 660
      caagaaggta gccacgcca aagaagcatc caagccaaag aaggctgcct ccaaagcccc 720
      aaccaagaaa cccaaagcca ccccggtcaa gaaggccaag aagaagctgg ctgccacgcc 780
      caagaaagcc aaaaaaccca agactgtcaa agccaagccg gtcaaggcat ccaagcccaa 840
20     aaaggccaaa ccagtgaaac ccaaagcaaa gtccagtgcc aagagggccg gcaagaagaa 900
      gtgacaatga agtcttttct tgcggacact cctcctgtc tcctattttc tgtaataaat 960
      tttctccttt tttctctctt gatgtcacc accacctttt gccccttct gttctgactt 1020
      tataagagac aggatttggg ttcttcagaa attacagaat aattcatttt tccttaacca 1080
      gttgtgcaag gatagcaaca accaatctaa tgatgagaat gtacttataat tttgttttgc 1140
25     tattaaccta cttacggggt tagggatttg cgggggggct tgtgtgtttt gttggcttgt 1200
      ttgccatgaa ggtagatgtg ggtggggaga agacacaagg cagtttgttc tggctagatg 1260
      agagggaacc caggaattgt gaggttagca ggaatatctt tagggtagt gagtttctct 1320
      tgagttgggc acccgttgtg agagtttcag aacctttggc cagcaggaga gaggtgtagt 1380
      ggagcagcca gccggcaaag gaaggaggtg gaaaaaaacc gccaccgggc tgacttccac 1440
30     ctcccagtgg tagcagtggt gggcccaaac ccagtttctt tctcattttt gttagtttgc 1500
      cctttcgggc tcctattttt cttagggaag gggagtgggg tccaagtgac agctggatgg 1560
      gagaagccat agtttctccc agtcagctag gatgtagcca ttgggggatc tttgtgctt 1620
      cagcaaattc tctgtttaa ccggagtga aacttcagg gaagggtggg gactcagcca 1680
      agtgcctcag tgtgccctgt tgaaacttag gttttccac gcaatcgatg gattgtgtcc 1740
35     taggaagact tttcttttcc tctggatttt tgttcctcct gtacaagagg tgtctttgct 1800
      tggtttggtg gggctgcggc cacttaaaac ctcccgatct ctttttgagt cctttattat 1860
      aagtagttgt agctgcggga ggggagggg gagtggcgcg gcagtggata gtaagactta 1920
      ctgcagtcga tttgggattt gctaagtagt ttacagagc tagatctgtg tgcagtgtgt 1980
      tgtttgtgta tatatacata tctagggcta gtacttagtt tcacaccggg gagctgggag 2040
40     aaaaaacctg tacagttgtc tttctcttat ttttaataaa atagaaaaat cgcgcaactt 2100
      cgcgctcccc ccccaacccc ttttttaaac aagtgttact tgtgccggga aaattttgct 2160
      gtctttgtaa ttttaaaact ttaaaataaa ttggaaaagg gagaaactga aaaaaaaaaa 2220
      aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2241
```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 631 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

tgacaatggc ttctttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtggaatcg aatcagaagt 60  
ggtggctgga attccacgca ccgatcagta ctgggaaaag atctaactcg ccgtgggcct120  
gtcgtgccag tcttgggggc gagatggggg tagaaatgca tgtgatgcgt taagtccacg180  
15 taagatacaa gtttcagaca gggtcggaag gactggattg gccaaacatc agacctgtct240  
tccaaggaga ccaagtccctg gctacatccc agcctgtggt tacagtgcag acaggccatg300  
tgagccaccg ctgccagcac agagcgtqct tccccctccg tgatccatcc atctccaggg360  
agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gagttcctaa caggatgaaa gttcccccat420  
cagttccccc agtacctcca agcaagtagc ttccacatt tgtcacagaa atcagaggag480  
20 agatggtgtt gggagccctt tggagaacgc cagtctccca ggccccctgc atctatcgag540  
tttgcaatgt caaacctctc tgatcttggt tcagatgatt cttaatagga gtttattttt600  
cgggcagctg cgaatcaggg gggtaaccag g 631

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 980 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

50 ggggccggga ggttacttag ggccggggct ggcccaggct acggcggctg cagggctccg 60  
gcaaccgctc cggcaacgcc aaccgctccg ctgcgcgcag gctgggctgc aggtctctcg120  
ctgcagcgtt ggttgatctt aggatccggc ttccaacatg tggcagctct gggcctccct180  
ctgctgcctg ctggtgttgg ccaatgcccg gagcaggccc tctttccatc ccctgtcgga240  
tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccgggc acaacttcta300  
caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtggtacc ttctgggtg ggcccaagcc360

```

      accccagaga gttatgttta ccgaggacct gaagctgcct gcaagcttcg atgcacggga420
      acaatggcca cagtgtccca ccatcaaaga gatcagagac cagggctcct gtggctcctg480
      ctgggccttc ggggctgtgg aagccatctc tgaccggatc tgcattccca ccaatgcgca540
      cgtcagcgtg gaggtgtcgg cggaggacct gctcacctgc tgtggcagca tgtgtgggga600
5    cggtctgaat ggtggctatc ctgctgaagc ttggaacttc tggacaagaa aaggcctggt660
      ttctgggtggc ctctatgaat cccatgtagg gtgcagaccg tactccatcc ctccctgtga720
      gcaccacgtc aacggctccc ggcccccatg cacgggggag ggagatacc ccaagtgtag780
      caagatctgt gagcctgggt acagcccagc ctacaaacag gacaagcact acggatacaa840
      ttctacagcg tctccaatag cgagaaggac atcatggccg agatctacaa aaacggcccc900
10   gtggaggagg gttctctgtg tattcggact tctgcctaga gtcagggggg acaaaagtcc960
      cggaatttg gggggccgcc                                     980

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2238 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

      cacatgttcg gggaccgagt ggggtcaatc ttctgtgtct gcctctccag gtctcttcca 60
      ggccgggtcat agacgtactc cctctgaggc cgaccgatgg ttagaagagg tgtctaagag 120
40   cgtccgggct cagcagcccc aggcctcagc tgctcctctg cagccagttc tccagcctcc 180
      tccaccact gccatctccc agccagcatc acctttccaa gggaatgcat tccctcacctc 240
      tcagcctgtg ccagtgggtg tggctccagc cctgcaacca gcctttgtcc ctgccagtc 300
      ctatcctgtg gccaatggaa tgccctatcc agccctaat gtgcctgtgg tgggcatcac 360
      tccctcccag atggtggcca acgtatttgg cactgcaggc caccctcagg ctgccatcc 420
45   ccatcagtca cccagcctgg tcaggcagca gacattccct cactacgagg caagcagtgc 480
      taccaccagt cccttcttta agcctcctgc tcagcacctc aacggttctg cagctttcaa 540
      tgggtgtagat gatggcagg tggcctcagc agacaggcat acagagggtc ctacaggcac 600
      ctgccagtg gatcctttg aagcccagtg ggctgcatta gaaaataagt ccaagcagcg 660
      tactaatccc tcccctacca accctttctc cagtgaacta cagaagacgt ttgaaattga 720
50   actttaagca atcattatgg ctatgtatct tgtccatacc agacaggagg cagggggtag 780
      cgggtcaaagg agcaaaacag actttgtctc ctgattagta ctcttttcac taatcccaaa 840
      ggtcccaagg aacaagtcca ggcccagagt actgtgagg gtgattttga aagacatggg 900
      aaaaagcatt cctagagaaa agctgccttg caattaggct aaagaagtca aggaaatgtt 960
      gctttctgta ctccctcttc ccttaccctt ttacaaatct ctggcaacag agaggcaaag1020
55   tatctgaaca agaattata ttccaagcac atttactgaa atgtaaaaca caacaggaag1080
      caaagcaatc tccctttgtt ttccaggcca ttcacctgcc tcctgtcagt agtggcctgt1140
      attagagatc aagaagagt gtttgtgtctc aggtgggga acagagaggc acgctatgct1200

```

gccagaattc ccaggagggc atatcagcaa ctgcccagca gagctatatt ttgggggaga1260  
 agttgagctt ccattttgag taacagaata aatattatat atatcaaaag ccaaaatctt1320  
 tatttttatg cttttagaat attttaaata gttctcagat attaagaagt tgtatgagtt1380  
 5 gtaagtaatc ttgccaaagg taaaggggct agttgtaaga aattgtacat aagattgatt1440  
 tatcattgat gcctactgaa ataaaaagag gaaaggctgg aagctgcaga caggatccct1500  
 agcttgtttt ctgtcagtc ttcattgtaa gtagcacatt gcaacaacaa tcatgcttat1560  
 gaccaataca gtcactaggt ttagtatttt tttaaataaa ggaaaagcag tattgtcctg1620  
 gttttaaacc tatgatggaa ttctaagtgc attattttaa tggaatcaat cgaaatatgc1680  
 tctatagaga atatatcttt tatatattgc tgcagtttcc ttatgttaat cctttaacaq1740  
 10 taaggtaaca tgacataatc ataccataga agggaaacaca ggttaccata ttggtttgta1800  
 atatgggtct tgggtgggtt tgttttatcc tttaaatttt gttcccatga gttttgtggg1860  
 gatggggatt ctgggtttat tagctttgtg tgtgtcctct tccccaaac ccccttttg1920  
 tgagaacatc cccttgacag ttgcagcctc ttgacctcgg ataacaataa gagagctcat1980  
 ctcatcttta cttttgaacg ttggccttac aatcaaattg aagttatata tattgtact2040  
 15 gatgaaaatt tataatctgc ttaacaaaaa ataaatgtt atggtagaaa aatttgcca2100  
 tgaagggtg ttctttccc tttcctttat tagtaaatga atttattttt cgttcttttg2160  
 gtcttactct ccattctact gctgctgtaa atccctagtt tagtgactag aaaaataccc2220  
 ttaagattca tattttca 2238

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

- (A) LÄNGE: 398 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

45 tgcagattgg ttggggcagc ccggggaggc tggctccgac acacgactga gtgtgcctac 60  
 actggtccca caggttttca gctgtggagt ttgggatctg agcttgagac ccattgttt120  
 ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg180  
 agaccagaag tcaacaacag gaggttgag aggccgggtc tcacaatccg cttggctggg240  
 gagtccactg aggttcttgc atcctgaagc aaaccatgga gagctggtgg ggacttccct300  
 50 gttttgcgtt cctgtgtttt ctaatgcacg cccgaggtca aagagacttt gattttggca360  
 gatgcccttg atgaccctga aaccaccaa gaagccaa 398

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

20 ggcgggtggcg gaagtgggag cgggcctgga gtcttgcca taaagcctga ggcgaggca 60  
 cggcgaggatt ggcggcttgg agagctcggg agagttccct ggaaccagaa cttggacatt 120  
 ctcgcttctg tcctccgttt agtctcctcc tcggcgggag cctcgcgacg gcccgggcg 180  
 gagccccag cgcaggcccg cgtttgaagg atgacctta ggaagaaagt gttgctgaag 240  
 25 gttatcatcc tgggagattc tggagtcggg aagacatcac tcatgaacca gtatgtgaat 300  
 aagaaattca gcaatcagta caaagccaca ataggagctg actttctgac caaggagggtg 360  
 atggtggatg acaggctagt cacaatgcag atatgggaca cagcaggaca ggaacggttc 420  
 cagtctctcg gtgtggcctt ctacagaggt gcagactgct gcgttctggt atttgatgtg 480  
 actgccccca acacattcaa aaccctagat agctggagag atgagtttct catccaggcc 540  
 30 agtccccgag atcctgaaaa ctccccattt gttgtgttgg gaaacaagat tgacctcgaa 600  
 aacagacaag tggccacaaa gcgggcacag gcctggtgct acagcaaaaa caacattccc 660  
 tactttgaga ccagtgccaa ggaggccatc aacgtggagc aggcgttcca gacgattgca 720  
 cggaatgcac ttaagcagga aacggagggtg gagctgtaca acgaatttcc tgaacctatc 780  
 aaactggaca agaatgaccg ggccaaggcc tcggcagaaa gctgcagttg ctgagggggc 840  
 35 agtgagagtt gagcacagag tccttcacaa accaagaaca cacgtaggcc ttcaacacaa 900  
 ttccccctct ctcttccaaa caaaacatac attgatctct cacatccagc tgccaaaaga 960  
 aaaccccatc aaacacagtt acacccacac tattctctca cacacacaca cacacggcac 1020  
 acacacacac acaggtttgg acgttattca gattgcggcc tttgccgtgt tgggttcgtg 1080  
 gggg 1084

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1259 Basenpaare  
 45 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

10 taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgatttgta 60  
 gtaatcgaag aacatgttta tgggaacagg gtgactcagc tctcctgggg aggatggatg 120  
 aggagttagc aggaagagag ggtaccaagt gaggggaaag cagcagggtg ggtctggggc 180  
 atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatctttta ttcattgcttt ttcacaggag 240  
 15 ctgaagtggg aatcagtaca tcgagaatcc acggccgggg accagtagga cttgagggac 300  
 tgcttactac taagtggctg ctgagaggga aggaccacgt ggtctcagat ttctcagagc 360  
 atggaagtgt aaaatatctt catgagaacc tccctattcc tcagagaaac accaactgaa 420  
 aagagccagg aaaaccggg aattttccaa aagggtcttca cgttaaactt gtcttatctc 480  
 aggagagagc ccgctcttgt ctcccagttc ctggtagggt ctgctgtgtg gaaagtgtac 540  
 20 ctggatgctt ctgggctccg tttggcaata gcaatcttgg ctgatgtgca cagtctggct 600  
 ccqagctcac cttttttttt taaaagtaag aaaatagttg ctaccgatag ggactttgcc 660  
 aagtccaatt atcttctagg attgaaaggt gcattttccc cataaaaaag gcgaggaaaa 720  
 bccatggctg ctttgtgtca cctcagtgac ttacagtccc ccttggcatt tagttggtag 780  
 tagagccagt catccttaac aaatcttttc acattttatt tctttcacat gtagtcatct 840  
 25 tcaaaaagga aagatttgga attttagaaa aggggcaact cttcttttta gcatttctat 900  
 cdgaaagtca caaaaatcga tggaaatcatt tccactggga agattgacct tttgtattta 960  
 tttgtggggt aaattaataa gcattccaga tgcttgagc ttcttgcatc caggagatgc1020  
 tgtgttcccc gtgatgcagc tggaaaccaa gctgcagcag gagatgcaag ttccaggatg1080  
 ttccccactg agctggagga atatctacag cagtgatgct tgaaattttt gtatgaattal140  
 30 ttttgcgtc ctaccctttt cctccaaaac aaaaattaga ggattatttt aatactttgg1200  
 attcttcccc cttttttgag aaataaagtt ttttatgaaa agccaaaaaa aaaaaaaaaa 1259

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

## 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1938 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```

ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggct gttgggggtgg cggtgacgac aggcagcaaa 60
agaccagctg gtcccagatt cgctgctgga gtgctggatg gagcctttct ctgccctctg 120
tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc ccccgggacc ccctggagcc 180
5 cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac cccaggatg ttgcggagcc 240
tgctggagcg gccttgacg ctggccctgc ttgtgggctd ccagctggct gtcatgatgt 300
acctgtcact ggggggcttc cgaagtctca gtgccctatt tggccgagat cagggaccga 360
catttgacta ttctcaccct cgtgatgtct acagtaacct cagtcacctg cctggggccc 420
caggggggtcc tccagctcct caaggtctgc cctaactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
10 tgggtcctgt gtcggtgtcc tttagcccag tgccatcact ggcagagatt gtggagcgga 540
atccccgggt agaaccaggg ggccgggtacc gccctgcagg ttgtgagccc cgctcccgaa 600
cagccatcat tgtgcctcat cgtgccctgg agcaccacct gcgcctgctg ctctaccacc 660
tgaccacctt cttgcagcgc cagcagctgt cttatggcat ctatgtcatc caccaggctg 720
gaaatggaac atttaacagc gcaaaactgt tgaacgttgg ggtgagagag gcctgctg 780
15 atgaagagtg ggactgctg ttcttgacg atgtggacct cttgccagaa aatgaccaca 840
atctgtatgt gtgtgacccc cgggggacccc gccatgttgc cgttgcctatg aacaagtttg 900
gatacagcct ccctgacccc cagtaacttcg gaggagtctc agcacttact cctgacccagt 960
acctgaagat gaatggcttc cccaatgaat actggggctg ggggtggtag gatgacgaca 1020
ttgctaccag ggtgcgctg gctgggatc agatctctcg gccccccaca tctgtaggac 1080
20 actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga ggaaaatccc cacagatttg 1140
acctcctggg ccgtadccag aattcctgga cgcaagatgg gatgaactca ctgacatacc 1200
agttgctggc tcgagagctg gggcctcttt ataccaacat cacagcagac attgggactg 1260
acctcggggg tcctcgggct ccttctgggc cacgttacct acctggttcc tcccaagcct 1320
tccgtcaaga gatgctgcaa cgcgggcccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgcca 1380
25 accacacagc cctccgaggt tcacactgac tcctccttcc tgtctacctt aatcatgaaa 1440
ccgaattcat ggggttgat tctccccacc ctcagctcct cactgttctc agagggatgt 1500
gagggaaactg aactctggtg ccgtgctagg gggtaggggc ctctccctca ctgctggact 1560
ggagctgggc tcctgtagac ctgaggggtc cctctctcta gggctcctg taggcttat 1620
gactgtgaat ccttgatgtc atgattttat gtgacgattc ctaggagtcc ctgcccctag 1680
30 agtaggagca gggctggacc ccaagcccct cctcttcca tggagagaag agtgatctgg 1740
cttctcctcg gacctctgtg aatattttatt ctatttatgg ttcccgggaa gttgtttggt 1800
gaaggaagcc cctccctggg cattttctgc ctatgctgga atagctccct cttctgggtc 1860
tggctcaggg ggctgggatt ttgatataatt ttctaataaa ggactttgtc tcgcaaaaaa 1920
aaaaa 1938
35

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 40 (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

```

5  caaaaaaacc tcttaatat ctggagtcac cattcccttc gacagcattt tccctgtgctt 60
   tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
   tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
   tccttgggta ttagagtttc aacctgaag tctctaaca tgattttct tcacctctgc 240
   tactcaagta gcatttaact gtcttttggg ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
   acccctcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
10  aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttccctt 420
   tttgcattct cctccttcc cttccttgta gccttttgac ttccattgga aattaggatg 480
   taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcattcagg ttaagtgtga 540
   gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
   agcattgata ttgtgcat ttctaaacag agatgagggt gtatcttcac gtagaacatt 660
15  ggtattcgct tgagaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
   ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaatataa tagcttttgt gtcttacatt 780
   ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcataatgt ggttccattc 840
   tcacctatcc acacaaqata tccgtatata tcccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
   aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tctctcctca cacacagact 960
20  catattactg gtaggaactt gagaacttta ttccaagt gtccaacat ttaccaatca 1020
   tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
   tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgttc catggccgtg tagaagcatg 1140
   gtgccctggc ttctctgagg aagctggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
   tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
25  tctagaaaga atatttggtt ttctgtata ggaatagat taattccttt ccaggatttt 1320
   tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc ccccta tctt ttttactgt tatcctattt 1380
   agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
   agtctgggag tggggaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
   tgagggaaaa gggagggaaa aggaagtat gggaatacct gtggtggttg tgatccctag 1560
30  gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggatttc ccatccctg tgggaaattal 1620
   gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttccctaac atacctaagc 1680
   aaaccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gtttaagttt tcccttcata 1740
   tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat 1800
   tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
35  tcaaaaaaaa aaat 1874

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- 40 (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

```

55  RDIWTMNLQR YWGEIPISS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60
   PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIAATAQA QNQQTTEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL 120
   LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEP VTELSWHSCR QLLYQSGTN PGQRRAFDCA 180
   NESVLEDPNL MLAHEYWP 198

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

20 IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRG GSWTSTRNS RGSKSKEALL VWLDDIGISP60  
QYLCRFIVHM SLQVQQTFIK CQAFVQQL IM 92

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 25 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 DPCPERSTKN RHGAQGMPS LQGFPRRSA GAGANHRVLR SPDVQGSRT GRSGPEPRQG60  
GTLFTAASQ SGLGGCLDLE RPEARISDP ESWFVD 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

EGRVQQGSFV NVQQGPQEPF IEFIHQLTQA IKSTHGTSTI PRVSRITLKD KP 52

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

PSRTSHSGTL PIPRLKICFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFLL NFLNLDN 47

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

LSKFKKLRVN NTCASSVVGSLFIFPLFLKH IFKRGMGVNP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60  
ALNCLG 66

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

REGEGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL PPSSSESWEK CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60  
AQHSACVPFC SGSLSPPPSQ PQLSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120  
VHFSHWGMPC PCILCCRSPH LHLRGLGSPS SPQCPQSLSQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180  
20 TWVASCP 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

25

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPWCWGLDP TTPAHLAEHL VPIEDCLPLL LHLQLPPLL 60  
TFHTLQDCVC SGSPGECSSC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSQQRVHQH QEGHVEQOGT120  
45 HHGQVDDNDD LDGGGLRSSY LSHSRQ 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

10 FFFFWREIK QFNDGFLDLH TTLRQEDKIF SPCTGTTKFR DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60  
SCSNRPSSGSV TVDTGERRDC PDPSSAGEGT GSRVCMGTPC PSARSAQGT NTSFQCTLKT120  
QWAQGAQLSH QSCPQGSWG WG 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

15

(A) LÄNGE: 464 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

35

RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60  
GCSVTLFLFP SQYVDVASLG LVPQLTGGTL YKYNNFQMHL DRQQFLNDLR NDIEKKIGFD120  
AIMRVRTSTG FRATDFFGGI LMNNTTDVEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDGALIQCA180  
VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINF FAKSAFAVL HQPLKVIREI240  
LVNQTAMHLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTERAY300  
QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPIHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEEGI FLLANGLHMF360  
LWLGVSPPPE LIQGIFNVPS FAHINTDML LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QKRPSYMKLT420  
IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

5 TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLAQP QMMGVTDVGE VFPVLLDGFL 60  
VNYQESQSVI HNLLDQIPDM FADSNENETV FAPVIQAGME ALKAADCPGK LFIFHSSLP120  
AEAPGKLNKRD DKKLVNTDK EKILFQPQTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

- 10 (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

GSTVFTEFVI VLELHGHCLV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCAGT NPHNSIKAYF 60  
LFNIISEVVQ KLLSIQVHLE IVVFVKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEEE CHRAAGEPRS120  
PWPMShRHLEF GAGKVSSLCL Y 141

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- 35 (A) LÄNGE: 504 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

50 LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHDKMVAAAT 60  
GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FFGVNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120  
VQPITSYDAA GSFLLLGCNN GSIYYVDVQK FPLRMKDNDL LVSELYRDP A EDGVTALSVY180  
LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGVRVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240  
ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGGCSA GNDIGPYGER300  
DDQQVFIQKV VPSASQLFVR LSSTGQRVCS VRSVDGSPTT AFTVLECEGS RRLGSRPRRY360



LLTGQANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELMEQLE HCELAPPAPS APSWGCLPSP420  
SPRISLTSLH SASSNTSLSG HRGSPSPQA EARRRGGSF VERCQELVRS GPDLRPPPTP480  
APWPSSGLGT PLTPPKMLN-ETSF 504

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 289, Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

25

GQPARPGAMA AAATAAEGVP SRGPPGEVIH LNVGGKRFST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60  
ISTLKDEPGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRRLQL120  
REELDRSSCG NVLFNGYLPP PVFPVKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPFNLGNAG180  
LLGRMLDEKT PPSPSGQPEE PGMVRLVCGH HNWIAYAYTQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240  
RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVMNTRWWQQ PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

50

VPQDQGIPRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGGRRRSG PLRTSSWQRS 60  
TKLPPPRRA SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREMRG EGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120  
CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMVVRRSHM AKLPLAWPVS R 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

15

QLWGFAAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEKVDK DAELVAQWNY CTLSQEILRR 60  
PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSDN PAWEGDKGNT120  
KGDHDDLQR ARFICPVVGL EMNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKAEV CHTCGAAFQE180  
DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQQS LFQNMMSVKK PQGHQKLRQG240  
20 SLKKPALILE RRKPTWLPKA QQ 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

40

CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAESELEKK TKKPKAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60  
EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSSGKAG KPCCGATKRS IADSESEAY KSLFTTHSSA120  
KRSKEESAHW VTHTSYCF 138

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

10 HLVLKQTLTP WVSLSFFPIR SQPSLLHPCL QHVHILLGAI EHDDIILEG SPTRVANFRF 60  
YLFQGSRLRKH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFSVSF IPFPGRIIRK120  
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCREFVQEFN DGIFVIKSAK FTGNYWSS 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

15 (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

30

HQWHITAMGS QHSAAARPSS CRRKQEDDRD GLLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60  
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRLRPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120  
DDGIIKVVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKIR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180  
MGGPFSYVYF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CGGNSTAI 238

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

40 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVH QDLRYRAEEV HIGKRSSH LG LPGKIHHCVH VLNLAGQAGH CHRVEVGVPD60  
FQGGHDGENY KGVLLIKCDF HHFDAVIIHK D 91

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

5

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEEHQQT RCQETKQDGG EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60  
DAISPGFEHI WELSNQFFLL SFSQQTVPVI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMPLVSCPA120  
SSVGGAARTQ RAG 133

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

30

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAPE GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60  
WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

50

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DTDTCYRVE EPETLVELQR NEWDPPIEWA EKRYGVEISS 60  
STSIMGPSIP AKTREVLVSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120  
LSRLEEYQI QKWNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

CLGLLHPVAD GVG VQKLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60  
CTCQGL 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SWRETEIKEQ LTHELCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60  
VESRRPVVRL ERPFQPAES VTLEFAKENR KCQEQAVSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120  
QEGNDISAAL AT 132

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- 10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

25 QILMSHSPPQ AEMASLNEPL VSLILLVVRV AISRPPPQAP KSLHRLHLV VASTPPTSWP60  
FGAHFAV 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

30

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

NGLSKRTTGL LDSTSCSCSN LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSSNFLAFR SSFCCMIVQR60  
CSVSCSFISV SRHE 74

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

15 GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60  
VNQTSETASL QGQSPSTDEL ERDSEMQRP 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

20 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

35 GPLHFRIPLK LICTWTTLTK RGGFRSLIHR GDRTYLGHPM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60  
LKERHGENFR VRAR 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPSQA HLYLSDPEA RRFPKSDSPR QDLFGASDG SEKRREPCK IFSRCRRNPS60  
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

PSPAVLGDQP PSASGAYHRK LSLEVCCCQE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60  
MLSSAAVWLG SRRLTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

(A) LÄNGE: 495 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

SRTNTPVETW KSGKGQSYT YIIIEENTTS FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINVT 60  
NVMNGVASYS RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC120  
VPCGPGTKNN KIHSLCYNDC TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSE TSKGLKYFHH180  
FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGYKAGVSSQ240  
PVSLADRLIG VTDMTLDGI TSPAELFHE SLGIPDVIF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV300  
RCSPQKTVPG SLLPGTCSD GTCDCGNFHF LWESAAACPL CSVADYHAIV SSCVAGIQKT360  
TYVWREPKLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE420  
YKYSKLVNNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGFD480  
SVPLKTSSGG PDMDL 495



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 5 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

20 GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RMSGPPEDV FSGTESNPSG 60  
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFITS LEYLYSSF 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

40 RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNRNAC QRGLFEKRVF SEPVLSVQEK GVLLKRKLSL 60  
LEQDVIVNED GRNKLKKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPPELI DVSDFECSLC MRLFFEPVTT120  
PCGHSFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEGINSEV SA 172

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- 45 (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

QIGGTVSHSC WKELIVKYLP DELSERKKIY DEETAELSHL TKNVPIFVCT MAYPTVPCPL 60  
10 HVFEPRYRLM IRRSIQTGTK QFGMCVSDTQ NSFADYGCML QIRNVHFLPD GRSVVDTVGG120  
KRFRVLKRGK KDGCTADIE YLEDVKVENE DEIKNLRELH DLVYSQACSW FQNLRRFRS180  
QILQHFGSMP ERRENQAAP NGPAWCWLL AVLPVDPYQ LSVLSMKSLK ERLTKIQHIL240  
TYFSRDQF 248

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

HSTSYLLDTL LSFLCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSCR ENTRNLRHRL 60  
15 ILLEYHHKLR KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHPVLE TFFSAEHLF LELTEQVLRA120  
LFFQTVLSGR HFC 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
40 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60  
EEPEPLSPEL EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFP CGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120  
MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSGV QT 152

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60  
RRIPOGKPKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGSQRSS GLHPRPNIRG RGTLLGGSPEP 60  
LALILARVGQ PHVLPSLHLL HTVLVHFPLG EDEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGV LAPLSGN120  
VFQLRG 126

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

50 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEFS FHSNKDRFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHTHS HTRTHMHT60  
RACTHGHMHT HTHT 74

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

ILISFKQRQI CAFTQAECPGH EYSAPAYIQR CTHDSPHQAH TQSHTHTH AHTRVHTRTH60  
AHTAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

VCPCVHVCTC VHVCMCLRV R VCVHVSVCAR ACVHVCVCAC VTVCVLGGGN HAYIFVCMQG60  
LNINHGHIIE 70

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

TVKFL R LKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTFCFYQEFF60  
FC\$KTL MGI F 71

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

45 YLNLQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTEPV 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLTSIC FSLRTKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS

37

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFGISLFII YFHDLSAKLL IFCRKKV

37

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNPWLHHA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60

TSTISHVATF TSMPHKCLSE SPNSAFFQNK PNAIQKKKK

100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

5

- (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60  
NIWNINLQLR PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120  
MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPQSILA AAEKAGMSAE180  
25 QAQGLLEKIA TPKVKNQLKE TTEAACRYGA FGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHLL240  
GEKWMGPIPP AVNARL 256

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

30

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNN MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVSLSW 60  
FFTFGVAIFS RSPWACSADI PAFSAAARML CGSVMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSKF120  
TAVRKRMADK LPFSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGSRP GGLFPLSFM180  
50 PVMRLGRNCR LMFQIF 196

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

15 EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DDKTNIKTVC TYWEDFHSCT VTALTDQEG 60  
AKDMWDKLRK ESKNLNIQGS LFELCGSGNG AAGSLLPAFP VLLVSLSAAL ATWLSF 116

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

40 KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPGAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60  
AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFLDSFL SLSHISFAPS WQSVRAVTVQ120  
LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLHRE180  
DQ 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

45 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

HLANKTQEI K RNKKENQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGGRAGGA 60  
GPTLRRKARS LKLPRETPGA PGTPGAGTTP PRCRCRRVRI SCLGC 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 426 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDEM TRIIWELIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60  
RDATNDQVTK DAAEAIAKKHN VGVKCATITP DEKRVEEFKL KQMWKSPNGT IRNILGGTVF120  
REAIICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDQ YRATDFVVPD PGKVEITYTP SDGTQKVITYL180  
VHNFEEGGGV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALSKGWPLY LSTKNTILKK YDGRFKDIFQ240  
EIYDKQYKSQ FEAQKIWEYH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSVAQGYGSL300  
GMMTSVLVCP DGKTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHRACLND360  
NKELAFFANA LEEVSITIE AGFMTKDLAA CIKGLPNVQR SDYLNTEFFM DKLGENLKIK420  
LAQAKL 426

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLWSRQK WKQWDWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPLLL60  
LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

LILIIHPHGN TTTFFKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSVL IPISMTTYDD60  
RFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

(A) LÄNGE: 410 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

45 TDQPNIQSVK IHSPLRNPN KGCECPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60  
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPGKTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSFNK120  
GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFISIDKQR PGQQVATCVR180  
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVSLEL GDMVEYSLSK240  
GKGNKVSARK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300  
50 GEVYFPFIVG MANKGDCLQK GESVKFQLCV LGQNAQT MAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360  
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60  
LPFLQAIPIFV GHPNDKWD LTFHIALH LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120  
LSNAIH 126

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKF NLISYLRRSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLF60  
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

ATMRLSVCLL MVSLALCCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNLQVAK LNPPPEALAA60  
KLEVKHCTDQ ISFKRLLI 79

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTWISEA TAGQTRAWAW

50

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPPT FSNEKPFLKR YLIGAVLHFQ LGCKSFWRWI60  
KFGNLEVYRS VT 72

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLTL SLD

53

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTKR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60  
IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GSWANKSDL LHIQVDPQL120  
G 121

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 205 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

10 GPLPALAAGS TFPVLACSSA MAPKGSSKQQ SEEDLLLQDF SRNLSAKSSA LFFGNAFIVS 60  
AIPWLYWRI WHMDLIQSAV LYSVMTLVST YLVAFAYKNV KFLVKKHVAQ KREDVSKEV120  
TRKLSEADNR KMSRKEKDER ILWKKNEVAD YEATTFISFY NNTLFLVVVI VASFFILKNF180  
NPTVNYILSI SASSGLIALL STGSK 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

15 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

30 VLHQDSSPSC LLAPNRPCQL HPLALCLWVA CGIWKSSRVV RVGDTRCFYS LEPLKNPAEC 60  
NSVFVYWLFF DRLLKLNELK GKLRVLGRLL KGKKCLAMCC NHKRRK 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

STYGQYVVHC GVEVLQYEEG SNNDHDQEQS VVIEDGKCCS FIISNFILLP QDSFIFLLPR 60  
HLSIISFRKF SSHFFGNSIL PLLCYFVLEN KFHILVCKGY QICAY 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 5 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

20 LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDQDN LDLANVNLML 60  
ELLVQKKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLQEI QKELSVLEED IKRVEEMSG120  
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180  
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240  
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KKIKVYEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300  
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQRSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360  
25 TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420  
SYAKFVSCEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480  
SLYLYYKGLS KTLTLTKFDT VKSVLKDOKR EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540  
GTIKVLELV 549

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60  
SSCFFFTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

15 FPSSLLFFFF FFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVSLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60  
GIPNVPKVIK EGKEKKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

35 KKMVRIGLFS CLLAIYSLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60  
IPCGLGEHVT RPGLLSPTAS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5 LKKGKWAKAI HNRKCKWPRN MKRCSSSLIF KKKKEILPTR LAKIFKDSGL ADYRQTGILT60  
NDGVVNW 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 10 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

25 SPEVGQALGT AGSRASRKMT SELSSLSISA SIRVSPQTD LHMALQAYM VLGSWDLHKA60  
FFPVVPAEVL LRAFLSLA 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 30 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

45 QAGKRALYKH TQTNTSGDGC VLLEQRLIKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60  
ITTKSWQLLK EKGLCRCSRN LSVNSCQQPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LSLTSRMEEA ELVKGRLOAI TDKRKIQEEI SQRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60  
ISSGKEQEEM KKQNOQDQHQ IOVLEQSILR LEKEIQDLEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120  
RTTEDIIRSV KVEREEAE SIEDIYNIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180  
AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRSKSL 216

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

40 FCFFISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFKCW CFSLSSSIFR RFCEISSCIF LLSVMAWSLP 60  
FTSSASSILE VKDSQTGKQV QSYHKSRLL GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 339 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

SSQLRRRLVP APAAPRPRPN HGVLGRRLRG DRWQWSHWAK WAMLFASGGF QVKLYDIEQQ 60  
QIRNALENIR KEMKLEQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAMH IQECVPEDLE120  
LKKKIFAQLD SIIDDRVILS SSTSCLMPSK LFAGLVHVQK CIVAHVNPVP YYIPLVELVP180  
10 HPETAPTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRLQY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240  
DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGIK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300  
NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

15

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTTITG CQIILKNQA EKEVKISRL SAQVAGNRQP 60  
RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHPTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

LNIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPSDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTKPA60  
TSFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGAVSGW GTSSTSGM 98

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 5 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

20 TMFFTCTGPNE AMVVSFGCRS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLTIN VKSEKVYTRH 60  
GVPISTVGIA QVKLSEFPFH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFPGTPT120  
HLPPPPFFP 129

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- 25 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

DGDPMAVNL FTLDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAEPG DHHGLIWATS 60  
EKHGSWSFR DAGGSPAGVS GRAGSRDLG AGQGPLADQL SWELAPSRVP HPAAPRCC 118

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- 50 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

10 WPSGGPLTSP GQCQSQPPS SPATSDRRPP TSPCSAPGFL PVARVGVGKV WWGSHEVRGK 60  
AEREGRALSE MLLPFQGGKG GGGKCLGVPG KDTSRGTS L QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

15 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

30 GRRTLFLATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHSR LGLASQSTLC60  
PACHCKELL LCQPKQRYG FSCIIFPGW FVF 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

NLIYPNSSMY SDTFSEKARI IGAVLSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEIH IYSTPHWTLQ60  
NACIFCP SAI CSLPFCLLKE LSNIVFPKMF STGH 94

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- 5 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

20 GHMHILDRF CTAQLEWVPV TWVGQYTIC VQYRKPSAV ARELYSNSLS AQANQVRKTA60  
IWLEDFQETA VVVRGRYYLR GGRGTDIKQE GF 92

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 25 (A) LÄNGE: 458 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

RGKRRRHRLP ALPPRLSPS AATMSASAVF ILDVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60  
VHGEEEGALA PLLSHGQVHF LWIKHSNLYL VATTSKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120  
LEESIRDNF VIVYELLDL MDFGFPQTTD SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180  
45 SWRSEGIKYK KNEVFIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLKVFLSGM PELRLGLNDR240  
VLFELTGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNDRTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300  
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKKQSV NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGSAKYVPE360  
RNVVWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEEVGRPPIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420  
50 IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFRYQLG RGEEMGGF 458

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

15 LVTKVGNRPL WVNVAKPQGR ALVTTLNDL HVSDLDPRDG EVGDLKLDPD GGPALHLFLF 60  
HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHDVSLR HILGAAHTGL ESGGVGIAGY RHRYPHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

20 (A) LÄNGE: 246 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDLIL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60  
GESASLGTGT DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRLENWFS MTDSIQISGL TWVLRYYDMS120  
SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDLFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180  
40 NTLMLVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240  
SSLLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

45 (A) LÄNGE: 275 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

MNTRLQVEHP VTEMITGTDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60  
MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGDE VSVHYDPMIA KWVVAADRQ AALTKLRYSL120  
10 RQYNIVGLPT NIDFLNLNSG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLLSRKAAAK ESLCQAALGL180  
ILKEKAMTDT FTLQAHDQFS PFSSSSGRRL NISYTRNMTL KDGKNNVAIA VTYNHDGSYS240  
MQIEDKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYLS SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFVKAGDKV 60  
KAGDSLMMVI AMKMEHTIKS PKDGTVKKVF YREGAQANRH TPLVEFESEE SDKRESE 117

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYGY IVFTIFKSHV 60  
SGIRDIQSSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLLEDETQG CLA 103



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 5 (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

20 ADKMFLPLP AAGRVVVRRL AVRRFGSRSL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60  
NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSVV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120  
KENIRAAVAA GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AQAAEGAVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180  
YGSQDQEAQW KGVLFASQGE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

LPILKIFSNN FGKIWLASIS IGWRLPSNWR AQVLAQKQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60  
SFFALGHRIH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESA CTPLQQQL 108

## 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

CFLCLHASFP VRRFQLPFCR GQLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KSLSAFQLTI60  
YQNSLLHL 68

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLI QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180  
35 LLFSLWL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60  
RLPGARAGPS QEVLPF 76

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

TGLCNISLS ACTSSLKVAD MRKALLKSGG KVTRGRLLEL FFKAKGKKEG QLRPPPKAPG 60  
SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

CHARLNTDSS RLAMKLLMVL MLAALLLHCY AD SGCKLLED MVEKTINSDI SIPEYKELLQ 60  
EFIDSDAAAE AMGKFKQCFL NQSHRTLKNF GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

LVEETLLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAAR ICIAVQEEGR60  
QHEDHQQLHG EAAAVCVQSC VA 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

LLFILHQMLS YTVCIISPKF FRVLCDWLRK HCLNFPIASA AASLSMNS 48

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

QAVGEKLSSR DSDLMEDRCF PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVFS 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- 5 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

20 IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLP SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS 52

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

40 WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTF LGEKEKWGKQ RSSIRSESLL60  
ESFSPTA 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- 45 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCTRTHTHS60  
LSTR 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPKAKNR EVAGLKTLSV TFQFLKHHCY LLKVVGLCIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60  
ARAHATHTH SQLV 74

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTFLFDYNEE MKMGYLGKIG IPSALKVSKL LTCEQHRTPL LWSSFQLRML60  
QFSKSIYYS 69

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

20 QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVYDN RVSVAARMAQ 60  
KMSFGFYKYS NMEFVRMKGP QGKGHAEMAV SRVSTGDTAP CGTEEDSSPA SPMHERVTSF120  
SRPPTPERNN RPAFFSPSLK RKVPRNRIAE MKKSHSANDS EEFFREDDGG ADLHNATNLR180  
SRSLSGTGRS LVGSWLKLNK ADGNFLLYAH LTYVTLP LHR ILTDILEVRQ KPILMT 236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- 25 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCNOQA VSVPVGHRTV PGRVLAEAEQ SRWKLPSLCT 60  
LNLRHVAAAS DFNRRHPGSSA EAHPPDLAAC GACAEPRPGP ALGVLPSAYL STATGVCDGT120  
PVLEPQGEA TRLPGP GPTA RTPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGCIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60  
LSDPVPGLHP LEGWGEEGRP VVPFWGGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLSPT GGCVTCRHS120  
DRHLGVALAL GALHAHKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLERLV ADGALKDDPL180  
ERVGFVTS HQ LHTDLSFPT VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

YPQDPPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEEAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60  
35 EFLCMRHISS CLYAEVPFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPHVWG120  
GRRHPGTEGS LQR 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

40 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

5 RLPSVPGCLR PPQTCGRCP PPCLGARSP TALAHVGH GLSPVHQPI ERMKGTSAYR60  
HDEICLMHKN S 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

25 RGLQHTDMMK YASCIKIHND MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHSGPT QERFSPQDTA60  
PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PLLLTVDAA HSMQH 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

30 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

45 OKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLVLHNNF LSLSSLLRNE VTDGIVGPQ PIDFVPNALR 60  
HAVDGRQEEI PVVIAASEDR LGGAIAAINS IQHNTRSNVI FYIVTLNNTA DHLRSWLNSD120  
SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDDV180  
50 ICGRWDFLPF TLQQ 194

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RFHGFPLVRI LLYFSFQKFR VKIDNFVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVFNHIGASV 60  
VLNAVYSCNG PPKPVFRCSD DHRNLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

NLAKVKGFMD SPWSSGSFTF PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRWSA VLLRVTM 57

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 230 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

5 LPAATNRLKR GKGSSTGSSS GNHGGSGGNG GHKPGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGV 60  
SNMREISKEG NRLLGGSGDN YRGQSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDTFWKNF120  
KSKLGFINWD AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTF FLNWKAIIEG ADASSLQKRA180  
10 GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GSHLLPRLP GCNLGLLAVG 230

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

30 TRTRSPPAP EPSSTSADSG RISNRTLLSS TGKQLLRVRT RHHCRNVQAE PSQNYNYNQH 60  
AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFGA TWACLQLGEV LVRQFLATNH RRPRKKHWVR120  
QGKLLPPLGP PALWQAPGPG L 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

35 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEEVEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETQ LGFKILPESV 60  
KVKHPRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120  
ALNPRFPAPA GFIPWLFTPG FMSISSAAPT VVAGGGAGAG SLPPL 165

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

20 ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTTEIGW WKLTF LRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60  
EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH 'VKVSNSGRFK EKKKVRATLA ENPNLFDDHE120'  
EGRSSK 126

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 25 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

40 YVLNTIIVGK GEEKIPHPLP RFGPCSFPLR VCDLPSAKVM AKTG TNRPNY HQSSLLQHPN 60  
RVPGSSVPSA PEGKVP GSSL PVLGGELKFS VSASGSTETS PYHVASGKCA LLRIGPGSSH120  
R 121

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNSHFLPAG INWPHSFSYG QRGQRGKVL S60  
QIWLMAQSQE V LAPSSALHF DDRPSS 86

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

GSGSPAPRKL HDFALCSAPL CPLFPRETSR SHIFLTDFEA VCLHSDWEHW DHFHADSGG60  
NGCIPFHDPT CVY 73

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

FVAMCSKQAS LNHGLLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRRHNDP SVPNQANRQ 60  
LQNQSRKCGI WKSLLERGGR GELSRGRNRA VYAE LGTPSL RARGGR 106

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

VLRWYSSDPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSFKISQE NVGSGSLSWK60  
EGAEGS 66

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGRS TQSRSRRAA HSRCCVAFPS SFTPRSRRRP 60  
45 KRRRRRREND PAASSLPFAH LPCSVSQSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- 50 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLLQ REGRGLPRGG VRLVLTAAE' PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGGQ 60  
SGGDGGARTT RRPVLFLLRT CPARSVSRRP' APGLCSDLAL' AAPRPSGRS 109

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAAAKAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL GQSVGGRRPA 60  
CAQTSRLRRP GPAAVASVWP ENLGAPAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120  
35 WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

40 (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEPPGP GRRLLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMLGGRV LLVLMFMTLL 60  
HEDASFFSIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTIVVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120  
5 ELKYDFFQTM SVIGGLLLV ALGPGGVSM EKKKEW 156

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

25 LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSNGSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60  
SLGKGTDLR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 30 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

45 SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60  
PRSLVPYDS PHQMTLAKSR FLCGQGWLAD WWKVGWTKGG HVSSQHQFCT SSASVLVGVP120  
VSPGPGWARA 130

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

- (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

15 GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60  
LQGFQILCDL HDGFSGVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLLNTA120  
FGLVHLTAHS SLVCELSLGG SLGLRPEPPV SFPYLHYDAT LPFHCSAILA TALDVTVPY180  
RLCSSPVMV HLADMLSFCG KKVVTAGAI PFPLAPGQSL PDSLMQFGGA TFWTPLCACG240  
EPSGTRCFAQ SVVLRGYRQS MHPKPQT 267

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

40 QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDDRCF S GPPHDGRDQV AGPRLLFPAL 60  
NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRNAA CPPALPGTWV PLGHFPLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(A) LÄNGE: 133 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHHLF PTEAQHVSQM 60  
NHGNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQGQGADKR120  
10 AVSSQVHETK SCV 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

15 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

30 PQAWRRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60  
ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120  
RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

35 (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60  
DSELQREGVS HYRLFPKALG QLISKYSLRE LHLSFTQGFV RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120  
WFQDTVTDVD KSWKELSNVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180

VLPREVVCTE NLTPWKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240  
SWELRQTLV VFDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESRYVVDI TTYNQDNETL300  
EVHPPPTTTY QDVILGTRKT YAIYDLLDTA MINNSRNLNI QLKWKRPEN EAPPVPFLHA360  
QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTPWYLR LLHPLPACPG PAATPPPGDA420  
DSAAGQ 426

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

- (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCRQ HQVQSCGSGS KTLMLWINL GRSSVMSSQG 60  
SSAPLSTSSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120  
PRQASLCC 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

- (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRRLNT QHWRPGSRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60  
IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKHGEE GVEAEKKAIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120  
KFVDTDIWNQ YLEYQSSLLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIIQ SPPIDYFDVF180  
KESKEQNFGY SQESIALLCT HLQQLIRTIE DLDENQLKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240  
GESSQNTNV LNSLEDLKPF ILLNDMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300  
TDLILADFLS SSELATEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHK WMSKCGADWE360  
EYIKMGKVVY HNHIFWTLPH EYCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKLTGDRKWE420  
FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWWTTG KYGIFQYDGP480  
L 481

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- 5 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

20 FHSVSTNFS TKINGLSVC NSFRNLERRE IAFFSASTPS SPCFSKNSLL CRCNVSITLV 60  
KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCWV FNRRRNREIG ICKSPPCPDC120  
RPGPPVSC 178

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- 25 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPGA VPLAQAADQP EFQLLMFLWY RVVQDGSSE60  
PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- 50 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLWWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60  
IEAHEQGKDI DLNKVTKTKTA AKYGLSAQPR LVDIIAAPP QYRKVLMPKL KAKPIRTASG120  
IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGYEQPP 168

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

GGTAAMISTR RGWAERPyla AVLVFTLFRS MSFPCSWASI SCLITSPIVS IISSAGLRSP60  
FRFCLISAPP 70

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLVG F NQLFNNISYS QHHQLSRAEI SFPLLPHFCA AVAEPPEIKM QPQTOTTEKA60  
DSHKTIPPVV K 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWWISL LAVPPQYRKV LMPKLKAKPI RTASGIAVVA VMCKPHRC PH 60  
ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSLT LGY EPTSMRSYSV PDMDFFPYRT RTPD 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRGWAE RPYLA AVLVF TLFRSMSEPC SWASISCLIT 60  
SPIVSIISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120  
PCTDEDR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5.

**(A) ORGANISMUS: MENSCH**

10

PHTTNPTCFK LFLIRCPV RKRVIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNG NQVPPRAVYT60.  
YISCKTDVWT SVGFAHSHD SNPTSSSDGF RL 92

15

20

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

25

**(A) ORGANISMUS: MENSCH**

30

DLSRPGGTRF VLTIQQTFFS KVFVQDNFKN NIKINNGFDF SLKIEKKGVG GGVNHWPPFF60  
WRGPIGIVRP WSGSL 76

35

40

45

**(A) ORGANISMUS: MENSCH**

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

RTFVLFYHRL TLQLLINTSE GDVWCKTHKH TQKSTSPLHD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60  
IHRGFRGTQI TAGFQFFFN TFLWSVPAL SVLLKLE 97

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ILHLEMYGVK HTNTHKKAQA RCMTRLSFLG LFLLRPAPSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFN60  
FLTIHFCGQF QQHCPYF 77

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren

30 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

45 ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA

28

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

(A) LÄNGE: 28 Aminosäuren

50 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNYFNLL GFHLLILKF HQQWGTEK

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

15

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGKSCL HPIQRIQWC

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

35

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

AMKVLSFLLC IRISFLFVVE SIVRGISKLN EVN

33

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAQRISLN FSQKWLIT

38

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

FTSFNLLIPR TILSTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

10

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRAVC SLFWYVHFKK60  
TPLSSLANQE Y 71

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

RFYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60  
FRVYPVE 67

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

15 KNLEFFSPST SYLLLQNSSE GFIIYILSYPE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

20 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

35 TPNSRGAGRV VRGSARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60  
NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRFGGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120  
LLMGGQQTIIY SCSSLTGFAS 140

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- (A) LÄNGE: 279 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

5 QSRSPRRREG VGTGSRAVLC ILATCGSKMS DIGDWFRSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60  
LISPAYLFLW PEAFLYRFQI WRPITATFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120  
GRPADYLFML LFNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMSVLYV WAQLNRDMIV SFWFGTRFKA180  
CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240  
10 RRGVSGFGV PPASMRRAAD QNGGGGRHNW GQGFR LGDQ 279

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

30 IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEEVGR ADEAEFADQG HGDGGGEPIA 60  
DVRRLAPEPV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTTRPA PRL LGV 106

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

- (A) LÄNGE: 207 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

50 LEPLEPNRLE LKKGYLTLSG SGDKVAVEWD KD HGVLESHL AEKGRGMELS DLIVFNGKLY 60  
SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTV EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTGT120  
DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNYNA LRAAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWFFL180  
PRRASQERYE EGRRAQGRQ PAAERLP 207

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

RWWATRAAWT TRTGCPTTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60  
RKDDERKGAN LLLSASPFG DIAVSHVGAV VPTHGFSSFK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120  
RVASYIMAFD LDGRFLLPET KIGSVKYEGI EFI 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VGTTAPTWLT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTPAGRIMD 60  
EVTWRLDAGS SPQGVVVGHP VLVVHAALVA HHLHPLRVLV HHITRSGRPL LAQAAHVQTL120  
VLHCQPFGLA AFLHGAVAVG QNHFGHGFAA FDLVDDPRPV IHGVEFFIEN NQVG 174

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

KLVCLEADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60  
S 61

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

NTMAVAAVKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60  
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120  
35 TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 IHQTAFSOMA NEAHESLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60  
RSFLKVFNF FOSGEQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120  
YVAIIIVW 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- 10 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

25 SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYP SK 60  
ETAHWKPPPW NDVDPKDTI VKNITLNF GP QHPAAHGVL R LVMELSGEMV RKCDPHIGLL120  
HRGTEKLI EY KTYLQALPYF DRLDYVSM MC NEQAYSLAVE KLLNIRPPPR AQWIRVLFGE180  
ITRLLNHIMA VTTHALDLGA MTPFFWLFEE REKMFEFYER VSGARMHAA Y IRPGGVHQDL240  
PLGLMDDIYQ FSKNFSRLRD ELEELLTNNR IWRNRTIDIG VVTAEALNY GFSGVMLRGS300  
30 GIQWDLRKTQ PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRVEE MRQSLRIIAQ CLNKMPPGEI360  
KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVYLVSDGS420  
SRPYRCKIKA PGFAHLAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVD R 467

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- 35 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

50 QPSVHEHTHT HTHTHHTQR PISSEEQAPQ KKLIGRGDQT LLPCSPIYFS KYNILGTYDG 60  
NDICQHVSLR HLVQTSQMGK TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGS L NG SICGSWRNLV120  
ALSIQLKVMN Q 131



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- 5 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

20 SQDTMRCWVL GPKVQGNVLH NCVLWRVHII PRWRLPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60  
LPNTSAGLNR QSDSSPRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- 25 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

40 RRLRGGEPT DRRDPESRT PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60  
RPTPAMLFRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHLQ120  
SISNLNENQA SEEDELGEL RELGYPREED EEEEEDAARL KS 162

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- 45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

10 VSLGRNLSAL PPLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60  
RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVROPTLEN PENREQGFAL120  
HNSTPQILSP GHRRPTGQDP KIWGKEVLRT LRYF 154

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

- 15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## 25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

30

AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRRIISTW RGSSWLGGAG 60  
TENWIFLRSL GSMARGVGGG AGVRDSGSRR RSVLGSPRR R 101

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

35

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPPL GARMSRFPA VAGRAPRRQE EGRSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60  
GGTTPTFPIQ QQRKKIIQAV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKLYEAGFS QHGMIGVTQP120  
RKVA AISVAQ RVAEEMKCTL GSKVGYQVRF DDCSSKETAI KY 162

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- 5 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

20 QIGGRARLHS GPGLCPGFPQ SRAGRQGGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60  
EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- 25 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

40 IGKVGVPVPPS WDVHPFSSLS AMQTAESRSS WRS�DRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60  
GGEHVHRSE 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- 45 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

10 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLO TSSQAAFYQK120  
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

15

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60  
KRKGMSFPLF DKKQPMKSG AQERWVSHLE AFRTQL 96

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

5

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFAS VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60  
LHMFLQDEII DKSYPKIR HA 82

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

RASPCPHGGQ QRKRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60  
NFLEIDVSNP QTVGVGRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRYSDFEW LRSELERESK120  
VVVPPLPGKA FLRQFLLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

50

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60  
VIQVLR LGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLPAVGT RARA 114

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

(A) LÄNGE: 374 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

35

RRAQESPLGR QSHLPRIYQA FLMSATFNED VQALKELILH NPVTLKLQES QLPQPDQLQQ 60  
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSL FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120  
LRSRCHIISQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFHH180  
VSAVLNFDLP PTPEAYIHRA GRTARANNPG IVLTFVLPT QFHLGKIEEL LSGENRGPI1240  
LPYQFRMEEI EGFYRCRDA MRSVTKQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLTQY FEDNPRDLQ1300  
LRHDLPLHPA VVKPHLGHPV DYLVPPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360  
KHKGKKFRPT AKPS 374

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

(A) LÄNGE: 224 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

5 QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAO SMIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSVSORA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180  
10 LLFSFGFEEE LKSLLEWGRV TCPGFTRLFS CQLLTRYK HSRs 224

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

30 FFFFFFFFAG AAKIFILLSR GKMPAWKCOG AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60  
PVLHNVLSR EAQPPQEGLA VGLNFFPLCL KLRSGFWDFA LLAFLQEEDS FFRFL 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

50 YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLSPALMT LRKEDVIQ GK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60  
TGSLAP 66

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

FRSCLFMLTG LLFIRQDVLV PWHLKGNPDK GKPVEPFGPI GSQDPSPVFH RYYHVFREGE60  
LEGACRTVSD VRILQSYDQ GNWCVILQKA 90

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHVV TMKHRTWVLG SYGTKWLNRF60  
AFIRISLKVP GNQYILTNNK KSC 83

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ERRSKSREER EKEREREREE RERKRREERE EREKERARDR ERRKRSRSRS RHSSRTSDRR 60  
CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDRRRSRSHD RSEKHRRSRS RDRRRSKSRD RKSYPKRSKS120  
RDREQDRKSK EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEGI80  
DTQSN 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

YHFPSIQCLC LHS AFLDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSCA YMTFDPGFLI 60  
FFDPDFEICV FFLIDHGFCF FVDLYFCSAF FLYFVTFCGP ETCCIFCLMF GLSVYFVND120  
SFFFLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSLSLCS CFSFLRRSSR IRLFGSSP 178

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VSPS DLMSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDETL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60

SRLLLLCLYD FRSRLFDLLR SRLRDLCLFS DRSWLLLLRR SLLLLRLLSL LRDLLWSRDL120  
LHLLSDVRL E CLLRERLLFL LSLSRALSFS LSSSSLRLFL SLSSLSLSRS FSLSSLLLLL180  
LS 182

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

25 GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VPVPPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKESP LLTQETQTQL60  
LQGFHRNGTD LLDMQMHASA TAAPLWGA 88

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- 30 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

45 PRRSRHSLPR RHKHSSCNNS IGMGTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGS DNC ISPGRCKWIK60  
H 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- 50 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

STCIFLARCS CRTHQAPHS G AAVAEACICM SSRVFPFRWN CCRSCVCVSW VRSGDSFSVR60  
KN 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

VCPIPMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLGQEK L MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60  
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60  
EEQ 63

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

KGWRSDFTVG GRQRDGQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60  
RGSRS 65

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
30 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFIY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60  
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120  
LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180  
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240  
KKAYDYFQA 249

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHYHYHYY IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60  
GKVPKIV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

RIFITTIFMA QKEMKYEHQK KLNLSSTILIL KFLCLKKGRY LRLS

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNNFSSTVC VLVVPL

46

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

GRWRRRLRHG RGSAAVGP AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60  
KAEGFMDADI PLELVFHLVP NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CVTVKEKLE QAESLLSEPM120  
VHELVLWIIQ NLRHILSQPE TGSGSEKCTF STSTMDDGL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180  
EKWASDLRLT GRLMFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSEN LQSRCGLKWK EMQREND 237

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

YLILLQGRN NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KKCKEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60  
YSALDELQKE FETAGLKKLF SEFVLALVK

89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

15 PLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTRAS TNSEKSFLSP AVSNSFCNSS NAEYSLTSNA60  
RNLLCSVCTF VSNSTLIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

40 RAGLFPGRRV GLEAENGPCQ HQHGDFVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSGG60  
GVLLPHHRRN NL 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

45 (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

GRACFRGGAW GLRPTALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60  
VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH ORPVAFLAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120  
LGFIILDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFMARVF MRMKLPGYLM G 171

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

EAGCKSFHNI LSIYVSGQES YWPLMPMFIS HRTDTWRFNN NIINYSSGDE EVRHHHQSIH60  
30 SHGRRHVQPG RLLQLQVGTG EH 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

50 HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPVI FKQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60  
TLISTPDLVF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY SYW 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:



- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

ESKNKVWGAD ECVIIYHQHC IGFQFRKDLE SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

20

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

SGNCCQTEKA KTRSGVLMSV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGPRE60  
FHNSSGAFSP ILFHTTITL

79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

40

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

5 GTLRHSVHV V PPKHGHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQEF QKHIHVATPA TSGILCSDKL60  
HGWEVFFLAR 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- 10 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

25 HLIPFMAKSS FRVGNTQTFC ACCSPKAWSS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60  
YPSNKRHPVL R 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- 30 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

45 SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKPQRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

- 50 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

~~(ii) MOLEKÜLTYP: ORF~~

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

15 GLPARRPQCF LRAEMANSG LLLGFSMALL GWVGLVACTA IPQWQMSSYA GDNIIITAQAM 60  
YKGLWMDCVT QSTGMMSCM YDSVLALSAA LQATRALMVV SLVLGFLAMF VATMGMKCTR120  
CGGDDKVKA RIAMGGGIIF IVAGLAALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYEFGPAIF180  
IGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

20

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

QHGHGPGHVQ GAVDGLRHA EHGDELQNV RLGARPVRLA GHSSPNGGLP GAGLPGHVCG 60  
HDGHEVHALW GRRQSEEGPY SHGWRHNFHR GRSCRLGSL L VWPSDCHRL L 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

5 CCHPHRSSSA TAGWRCRPPD PPSPAGPWS PATAGPNWPF PPSNTGGAG RGDPTVKQTT 60  
LGGQPHKRKL EEFSGHPKR QKGFGGECK SCHQTHKST PPVKRWPRGT GSRIREGGS120  
RONWWSPKAR RFPPGALGDP LSPPASRLLT GVGP 154

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

10

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

NLTQVTFLFF CPPNVHASR LHFEALMNP VLVDVNDDE AEEVTKQEDL MREVGRTLTP60  
VFLVSLWLY LL 72

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

50 SPSHLSHEVF LFGYFLSKII IDIQHQHNV HQSLKVEPIR SVNVGTEKK KCNLSQVSHT60  
RQVLLREQI 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

15 KRYNQRETTT KTGKVLPTS LMRSCCLVTS SAKSSLTSNT STGMFIRASK WSL 53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

35 SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPRQGRA TGRGESESAE 60  
LVPHSGQGRA ADQRQDLWS GRVDLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

5 TRNGSVFGCY RPHRFAGKS. VSLVYSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60  
WKRTNGQDFL LLLKTLMVK RKDWGQPGSS, GPTSKEPLQV ILCQALFKK 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

- 10 (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

25 GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAGKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGGLCP RRAPAGPWHQ 60  
GPQRPVKDEP QDGENPNPPN WSRTVVRDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120  
GATNAGKSTL FNTLLESDYC TAKGSEAIDR ATISPPWPGTT LNLLKFPICN PTPYRMFKRH180  
30 QRLKKDSTQA EEDLSEQEON QLNVLKKGHY VVGRVGRFTL YSEEQKDNIP FEFDADSLAF240  
DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVKDAHWF YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300  
VPRTFVLKPG MVLFLGAIGR IDFLQGNQSA WFTVVASNIL PVHITSLDRA DALYQKHAGH360  
TLLQIPMGKK ERMGRISSSC C 381

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

QPSTTCTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60  
LEGLPPSWYK VFDPSCGLPY YWNADTDLVS WLSPHDPNSV VTKSAKKLRS SNADAEEKLD120  
55 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180

EG

182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

5

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRE ASSNIWSLNQ RKRSPLRTMT 60  
MILWTTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTPW LPNRPRSSEA120  
VMQMLKKSWT GAMTSRTGAM TSRTAAMRN 149

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

30

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

45

PRSRSLSDLS WPRSDLSWPL SSFSWLRS DL SWPLEDLWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60  
TTELGSCGES QDTRSVSAFQ 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

50

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEF SRLYDAV LRGPMDSDDS HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60  
ERDILSNGQQ VLVCSQEGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVA AF120  
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTSDMIAEV GA AF SKLFET 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

(A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDEFPI THTLSPVQGA CLLVCAGSG FKELAEGGPH 60  
LGDHVGGGGG ATVLEGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120  
EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVAQG LAES 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

5 KSGKHRTPSA HAWVRIFPSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLKKAPTS AIMSEVVVER 60  
PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGLDPFV FCGPARSAQC TRTPREPDORR SPCPPHLRLL120  
PSWLHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDWLS SLSIGPLSTA SYSLLNSTWL180  
GVSTAFR 187

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

LFLFTNHNDG GKPCKKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK

40

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

QAEDKSETGL MRITGKLALA PPENELFHSL ADHP

34

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

15 NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLLSSACYRE MALLITDP

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

20 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

35 RQLFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLISLAWAG APLLGWNRYI 60  
LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLFLGC LVVPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120  
QFK 123

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTRTRL HCGLEIQGCQ 60  
RFLCAFLIS WLPGGAPGCH SPLLPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120  
F 121

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSRARCR 58

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

15 FCTTLWPSGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSSN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI60  
FSQGSNGL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

20 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VLSLHSSPLA KTGLNMKSPA60  
PRPQ 64

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

5 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMTLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLLP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

10

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

YEIQSLPFPS FSSAKLSLLW HSPFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60  
NGLWYVMQVV SQLDPRTSE FTAAFVGRV STLISKAGRE LGENDQILR AILSKMQAE120  
30 TLSVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYGYEGK180  
VSSVALCKLL QHGINADDER LQDIRVKGEE IYSMDGERT RSKSAKNPER WTNIPLLVKI240  
LKLIINELSN VMGG 254

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

35

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

50

SLSGPNANEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60  
AQCTLHTDDN AISAEWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
5 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

20 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180  
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGRLCFH240  
PHLQGRAGTR GESRPDFFVP SFS 263

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

45 TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGSLTHRP ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60  
PQQGKLGR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLKGKRL CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60  
LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

TRSSSPQTIT FDACVVIPCG DLQSQKQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60  
SWNEVVTTE YQGWTSSSTGG CMLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTDPK120  
35 PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

40 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

DVPLLFRLLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK

49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

5

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

SECMVLRTYN HRLTRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSL S

51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

25

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRAACTC GVPSPSPAPP60  
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVFPF

97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

45

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

10 KGKTMRSVLI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFSGA GELGQTPQVQ AALSVSQENP 60  
EMEGPERDQL VIPDGQEEQ EAAGEGRNQK KLRGEDDYNM DENEAESETD KQAALAGNDR120  
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPMCNSRCHL60  
QLKHSSYVMS LVTKVKLSHP EKAT 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRYWGSHSWG HSEATRNAS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- 5 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

20 TPRNLNFHFSK LTQFHCVNTV SLGSTKHPIT QFCFIVWTFS RLQGHGQEV CEEVCGFLVL 60  
ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- 25 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 VAPAVGSPVS QAPQRQRGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLP TKK60  
I 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

- 45 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

10 CNCAPSLPDE SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEA TRNRPPLLK FTASVVVPDS60  
SPAPGTTSTW GGAF 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

15 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

30 ATVHPACQIF PHYTPSVAYP WSPEAHPLIC GPPGLDKRL PETPGPCYSN SQPVWLCLTP 60  
RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AGRPCPYPH QVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

35 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

50 DRRSHGLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIH 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

ERLSHCRLV MLALISLCTP CTHAFSPVFY QASVSCITLK CDH

43

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

WIKRILIHIF KLLSREVVQK QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSLSEFMY60  
YTKM

64

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNLSITL60  
AYCYYYISSI YRQKGHF 77

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIVTV CKSDTQNV

48

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

15 EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60  
ENGSPGSDSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

20 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

35 MCDFIRGICQ FSHCGSFSDF ACSSSKEARS FADFTIPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60  
NLC 63

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

45 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

5

MGITHECVIL LGASANSITV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFLQ60  
PFHSRAIFAK E 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

LGDHIYNWDV NHFFSGIRAO RHNLOGHIIY YEHFTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKSI60  
YVG 63

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60  
ESFRRLHKYV LCTCPMLGNR KIIVIDKT 88

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

- (A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

15

LTVVYTVFYA LLFVFIYVQL WLVLRYRHKR LSYQSVFLFL CLEWASRRTV LFSFYFKDFV 60  
AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTTLTMNL YFTQVIFKAK SKYSPELLKY RLPLYLASLF120  
ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIVSVR VAINDTLFVL CAVLSICLY KISKMSLANI180  
YLESKGSSVC QVTAIGTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNK SVHSFDYDWY NVSDQADLKN240  
20 QLGDAGYVLF GVVLEFWELL PTTLVVYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

25

- (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

40

HRRLHRVLRA ALRVHLRAAL AGAALPPQAA QLPERLPLSL PLLGLPADRP LLLLLQRLRG 60  
GQFAQPLRLL AALLLPCVPA VFHPhADELV LHAGDFQSQV KIFSRTQIP VAPLPGLPLH120  
QPCFPVGEFN LCCAGKDGKL GEEGYRLCAS GH 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

45

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

10 LGFENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60  
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDGGE 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

30 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60  
VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMLIP120  
TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180  
MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTSEFT AAFVGAFVST240  
35 LISKAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGR L CISYYCCQDI NGCRTKPCR N60

LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ

97

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

- 5 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

20 PPAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEMPVE TKAPTKAAVN SEVRGSRWL TTCITYHSPL60  
WPCSSCHWAT CSRVTD 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

- 25 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRRKSIFYR GGFILDQKNK60  
KN 62

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

10 DLIYNYCYCP SDLSFSAIDV IAISRSSHNV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPNTYTYT60  
SRIAK 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

15 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

30 LDSLPFHVF PDPHPSEWLF TRIRHLRSWG QCYYPGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60  
KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSILKLVIP WPPPGENQPH60

PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

- 5 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

20 RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNYLKDVSGV RSSMWLAKGH60  
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

- 25 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

TLNPHKTLISA KKARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60  
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

10 YSFFFFLYQN NHLPLFFLER EEESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPLMSA ASVHRPQVKE60  
RMRSSWTS 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

15 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

30 KPSIHFFFSK TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SFTTHVGVHS CQQPPCTGPR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

35 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

50 DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

VLGKSSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP

52

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

YRYVFPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFTIL KLLGKLTPE CSKGALHLLK PWGHTSSVAS60  
EGQILWVVGDNFVLTYVIL 79

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60  
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

SMPFQFGTQP RRFVVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPG SHCLTITDVP60  
VTVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

15 GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNVVKES PDVIISGCHR60  
NI 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

20

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

REHQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLLPLETS LAGFQIEKAY 60  
FTENQKRLSL IPVEVNKSM L STGLSTEGWN QQRNDDQMFR 100

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

5 NSHLNVTLLI IMLIFSISYR NQSLKLHRG LKNVYHSIFI 40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- 10 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

25 GGIGYKGRYL NSSNNGYNPF FHNHLGCFKA I 31

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

- 30 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

45 TLIPIRDAKN QHNYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNKIK KYKAFKNLTH HLK 53

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

- 50 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHPKWLW KKGlyPLFEL FRYLPLYPIP P

31

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

15

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

CNIFQWGPSE HTCWTVQTIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTSLN GKLASNFFKY60  
SIFFSPLVVT GFYRSSYTVCFNSGP 85

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN TFWSEETQFW RGICSLYLKS60

KLSLMVNWLL IFLSTVFFFP L

81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

- 5 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

20 YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVFRTSC PTWLPGAQGF60  
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVR SMRLS 95

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERPGP60  
45 ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

SRWNDSHPLL ISPLTSLKLL SSSKSHCOLP YVVLGPPEPW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60  
TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVGRHGPA WTLG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

15 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRACSSPG SMLAHVGPLC PQRSRNAHDQ PRVHAGPCRP LCPLRSRNAL60  
VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGSLM S 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

(A) LÄNGE: 456 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNNDYFADV SPLRATSPSK SVAHQAPEM 60

PLVKKKKKKK KGVSTLCEEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNKSPL120  
AMSHASGVKT SPDPRQGEET TRVGKKLKKH KKEKKGAQDP TAFSVQDPWF CEAREARDVG180  
DTCSVGKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGHSPK SRSMESSPRK240  
5 GSKKKPVKVE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQPI EEPALKRKKK KERESGVAGD300  
PWKEETDIDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW360  
DTAGFENEDQ KLKFLRLMGG FKNLSPSFSR PASTIARPNM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR420  
AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

VRVCFLPRV SCYPTLSLLL FLPPQSWLLD DWLLYLFLGL HLFLCGGLRV ITYGDVFRSL 60  
NFDWLLFTSF PRAALHGPFG LGVAWEGISL LVDFFLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120  
30 ILLPH 125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

(A) LÄNGE: 381 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

50 SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60  
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGSFA120  
TPLSLSTFFF LFRAGSSMTG CSTFFLDFIF FFAEALGSSL MGMYSGASTL TGFFLLPFLG180  
LLSMDLEGLE WPGRASPSWW IFFFFFTFPL CSLGLFRFRF CPKAACSSSF FPTEQVSPTS240  
LASLASQNQG SWTEKAVGSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300  
55 FLFFFSPLRN SKWPNTCFLR LGDFSVRLAG SVVSGSTCSS QRVLTPEFFF FFFFTRGISG360

ACPWATLLEG DVALKGETSA K

381

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- 5 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

20 DHHNKLSLQS QTYIILSVN GEKISPYVLW VKCCNRLGLS NLP

43

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- 25 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

40 MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFINTNK RLVLSQFICH EPRNN

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

GKPKNCCDFE QGKLDNPNLL QHFTHKTYGL IFSPLTDSSI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

GVGGGALRSA ALPWRTLP LT STCSRCTKPS TAEMEHLVQS WCLLNILMLQ THDFKWPLQR60  
RSVNKSWNPL MMKCLQLI

78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDSRDGASC AELVSFKHPH VANPRLQMAS 60  
PEEKCCQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120  
LSCMQ

125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

- 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

20 MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLSWVCN MRMEKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60  
GNVRHGSAAE RRAPPPTQA 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

40 RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRRWPE MCFRSLTHHS LHTRREHHSW60  
SILRMEI 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

- 45 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

PITPYTHDVN TTPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPHTH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

RATSGRSGFI KPSNLKQGTS FGSWLLNVVS GCVGNDGRFV CEKLPHGIQI SILRMLQEW60  
SRRVCRE 67

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 451:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LVPVGREPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60  
IFEEEDTPSM EIEMEELDKW MNSMNRNADF ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLRLPQGL LLENMSAIQ V 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

20

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

FDSFSSFKVG KHSKSAFLFM LFIHLSSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

40

- (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

5 PITTCSLGDP GKDKYTCTHR GRERCVQRIC INILFSHPDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60  
LFLYFLFRSF TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNSRSCSIS SRHGLLI 107

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:

10 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

25 RRGVSFLLSR QKWHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLCCPK TRPGNCWGAK60  
GIAPVPQASR VGR 73

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMTVISS60  
RKDISKE 67

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

15 DQPSLPFIRH KTLNLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESLQSSN60  
IESKEINGIH DESNAFESKA S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:

20 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

35 QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

40 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHVV SGEPIILVAT LVRLRVLCRI NGREGW

36

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHGST LFQVNL

36

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60  
PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD

83

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60  
LYLFQLEFIN SCSLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

15 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

TLNPHKTLA KKVARIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60  
EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDNSMH VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60

SMLFYNCDSP GSLGAI

76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

20 NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- 25 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

40 HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWSLEG

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 45 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

IPLQRFSLLT SLFFVLKLDL LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKKRKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWT A HSKLTRLAIC60  
EYFSK 65

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTFP NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN 56

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren



(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

ARPAPAGREG RGEGEATSRG CGVGHRA GPR EPAPHGAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

20

(A) LÄNGE: 399 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPPSSLR RAFRRRELPF 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120  
PGVTEVTIE KPPAERHMIS SWEQKNCVM PEDVKNFYLM TNGFHTWSV KLDEHIPLG180  
40 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFLDRALY WHFLDTFTA YYRLITHLG LPQWQYAFS300  
YGISPOAKQW FSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FKSKNKIVIP KKGQVQVQAG360  
GQKGPSPGSG PSTSSTSKSS SGSETPPGK LRHPSFQFA 399

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

10 RSAGGFSSMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLPSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60  
GPDPAAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

30 KYVSHANISI YKWRTLTL LL FSYKIPNFVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

35

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

WIFRVCCISR EIHFYILFYY KHLDKGHLTH FKKHKCI

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

PKGLSIKVRRL NLDTRRKRCR LLNFIIHHIH CQI

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNILSITL60  
AYCYYYISSI YRQKGHFRNI

80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESEGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

EQLRLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60  
ENGSPGSDSW 70

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

(A) LÄNGE: 400 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

50 PQQTPWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60  
DLPRPLRSRE FPQFEPQRYP ACAQMLPPNL SPHAPWNYHY HCPGSPDHQV PYGHDYPRAA120  
YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYPSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180  
HQPPNRRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPSP AAVPRPPSNP PARGTLKTSN LPEELRKVFI240  
TYSMDTAMEV VKFVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIK WMERYLRDKT VMIIVAISPK300  
YKQDVEGAES QLEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIKQGS MNF RFIPVLF PNA KKEHVPTWLQ360

NTHVYSWPKN KKNILLRLLR EEEYVAPPRG PLPTLQVVPL

400

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

- 5 (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

20 SSSGWRVARG SRHSSWGRRL GNLSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMMWLVL VPWKPRKGAV 60  
SLCGPLFLVP GAGIIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSR VMAIWHLVIG120  
TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGE RSGEVLGVTH GGEGQGPFQL180  
25 PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSVPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

45 KQRMQSSHRL HFKA RVC GGL RGRALHNRFP GGQRASRG GT EKNQPGVLPT SLSQNAVRTR 60  
PQTWPGLSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120  
AHAPS 125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- 50 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

VAMTAKDCSI MIALSECLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLDLKPY ESIPHOYKLD60  
GKIVNYYSKT VRAKDNVMS TRFKESEDCT LVLHKV 96

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

LHCLPVCMP ALIKGLWSLH RGPGLFPFCL CWTLTSSPTR AFPISINWTA RSSTIIQRLY60  
VPKTP 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

NKAFRIRESD MSPGWERRTI QNVFPGLNGH FHFKS VSSFL GHSTHFLHSL SRKFLVLVFN 60  
SMSPRGNPTS KGVKSKNIHN QRSPTTENI SIIQPSHYVQ VSKTLQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

CSSIRPCGEA IPPQKGLKAK TETTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60  
CNLA PP 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

15

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPPSSLR RAFRRRELPH 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120  
PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFMTWSV KLDEHIIPLG180  
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLDL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
GSGKVCVLYK SGKPALAEDT EIWFDRALY WHFLDTFTA YYRLITHLG LPQWQYAFTS300  
YGISPQAKQW FSKYKPIYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FSKKNKIVIP KKKGPVQAG360  
GQKGPSGPSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

40

RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVSF S RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60  
GPD PASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

45

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

LAAGRGKEEE MGFEDHGLPF LPLTHHTPPF PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ QGFSPYQREM 60  
WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTL\$FWVPF LQMDLLRRII VFHVFPQVT KINICIYNLY120  
10 YCYIFVDNTE RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

15 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

30 GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60  
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQRAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPPQ HDCGRPKDIP60  
RFRL 64

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

- 5  
(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

RFTASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGVPVPK AGSHFSHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60  
MTRGQLAQFP LFSWGEGTL 79

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

45 KSSPDPARHY GSPPEGERRG KRSVPKVNPR SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60  
MLGQNASPHL TKGLQPAGWE MNQILTPPPP CPAHLLGQYQ 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 494:

- 50 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFQNS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60  
HGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

RVSPQLNKG NWANWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA WGWEKWLPAP TGTGPEGGQG60  
MEEGVLSGS FPTLLAVNL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

40

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

IQKVQYYTSP AAFVNGSLHS HWGTTVCGR NSKCPHCGHW VGS AFCQVC RNWLISVCQS60  
DQHTKVSAIK NVASLHPPSC YSGPSNLM 88

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWLRMRK SFLQWEEIHF SIPVQSDFMG60  
PVLNSDCIIN TIKRDSEMGs RIHWDNSKAY NTALMDPT 98

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

30

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

AGYTPVSSTI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGVL ITLAYRNKPI PADSLTKGTP60  
HPMTTMRALA VSAHAHSCTP MAV 83

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

15 GKICEYVNFL SLRDDRMFPY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60  
VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD 85

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 500:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKKSS LTIVNSISYF60  
SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTFL SNTFPFKE 98

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

5 VSSCTSNHGV RSSLSSGEHK CTERDVL RVT TKELPSLSLT QAMCTCDAAE CAGVGGGHVA60  
PPEHFLTGKL GDPLL VNFVE IRTVSFT 87

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

50 PSGPFSSLES TLLLQQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLLNTAA RMGCLLPVCH60  
GSINSLSSGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

VFIYDSLIIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGNSNLGS KVGHSSMHR 59

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

DRKFWNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDFTG CGAVKYFRPR60  
SVYTFYRRNE VL 72

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHENCV LNLSPTYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60  
GNTSNAYPLL ACYACFTAI AVCFTVFVKI PLSPFLVTGK AC 102

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

30 NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGILLNSL VIVFRLEMP TLVINITKYN VFLGRHFIKC60  
IMPWLLLR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

35 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMFNWDV CHSRAARQTF KNSHTAELA FLLTQKFRKL60  
TVTVT 65



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

20 GPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM FQPFNLTCLL LSFPPISSNL FCLTIYYLLG60  
ITSSYRIPSS LMSCPKQY 78

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

45 SLKLLGFLDV ENTPCARHSI LYGSLGSVVA GFGHFLTSE YLYFLFLYVL KKAFLYIMNY60  
FFF 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 50 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

SFVKWSPNLK LGNYEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG

53

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTTL HRAGAMHRHP SLP

43

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

QALQQIYRQT LTDTGQFSLR RNFLVLSWVT ILQNFTT

37

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

5

- (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

TGGARARRPL SAVARPARSS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCRWIL PLLLLSAIAF 60  
DIIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120  
IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TFTLHANRAV180  
25 TYIYNWAYGF GWAATIILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

30

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

DPLPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQRIM60  
LTGGAGPSGA ERSGSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

- (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15 TLPKNGFKVA WRNSFFFWSP SQQRFSPTF IPKLGRCVEV PGLGIAQKVI FVVGEAAEEE 60  
GTADQDNRC PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQGDDLEHSS QGKETSNSHQ120  
EDKHLGSTEG EGEDETTHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFFP180  
QRGRLAVVAR LQPAAGQRD DVEGDGAE 208

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

40 PSCPPPMKKE LPVDSCLPRS LELHPQKMDP KRQHIQLLSS LTECLTVDPL SASVWRQLYP 60  
KHLSSQSSLL EHLSSWEQI PPKVQKSLQE TIQSLKLTNQ ELLRKGSSNN QDVVTCDMAC120  
KGLLQQVQGP RLPWTRLLLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRS SGFLPASQQA180  
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGVP 204

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

PEVMAQEAYS EDQQQQEPR PGQPTLNLL QQALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60  
GLNGFLQRL LLLGNLLPGA EQVLQKAGL 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

GTPKRHFSPN QPVTLLQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60  
KTSSNRRSRV QGSRGP 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

(A) LÄNGE: 355 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

FRHSMNGCEK DSSSTDSANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGVTGPNIE KSVKDLQRCT 60

VSLTRYRVMI KEEVDSSVKK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120  
AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHFV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180  
EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG KQSNFSRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240  
STADPSHOTM PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNSRHEHR300  
5 RQPHNGFRPK NKGGAKNQEAL SLGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCRTPREGQ GPFRG 355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

- 10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

25 NQNVKNRGTO KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLPSPGL 60  
FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGI PTALRLGRPI120

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
35 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

RAVRISMAL LTLISAINL TSLMMQLCN SAKAALIFFT ELSTSSLIMT RYLVRETVQR 60  
50 CKSFTDFSIF GPVTPRSFAL GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESDVDELSFSQ PFMLCR 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:

55

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVS VG AANTKVRELK HFRFLG LLRS 60  
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGG RQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV 120  
VVFLFVYFLP 130

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

25

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGK PICPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET 60  
ISTINTRCVH LHLAPAAS 78

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

10 GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60  
RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

35 SLNSTFSVLP QKFPQFQHR AVYNSFSFPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60  
LDLNLPPQHN TGLGGIPVAG EEEVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQQPTSLHTT VA 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

40 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

RRFPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAWATGFLH DSFMILLMY60  
TERRANINVP HA 72

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

25 RNHAKIQLPM QAPQSLILSS QFCCQATVVW RLVGCCPCCN EWEEVDSEGMV ETFTSSSPAT 60  
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 531:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1708 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 531

CCTGGAAACA AGATCCAAAC CCAAGTGACC CCGCCGAAA GTGACCCAGT CAGGTTTAAA 60  
AATTCACAA AACCGACGTG AACAAATAGA CCGACCAACC AAATATACAA TCCGTCAAAA 120

```

TACATTCACCT TCCACTACGA AACCCCAACA AAGGGTGTGA ATGCCCGCCC AGGAGAGACG 180
GTTTTGGTTT CATCAAGTGT GTGGATCGTG ATGTTCTGAT GTTCTTCCAC TTCAGTGAAA 240
TTCTGGATGG GAACCAGCTC CATATTGCAG ATGAAGTAGA GTTACTGTG GTTCTGATA 300
TGCTCTCTGC TCAAAGAAAT CATGCTATTA GGATTAAAAA ACTTCCCAAG GGCACGGTTT 360
5 CATTTCATTC CCATTCAGAT CACCGTTTTT TGGGCACGGT AGAAAAAGAA GCCACTTTTT 420
CCAATCCTAA AACCACTAGC CCAAATAAAG GCAAAGAGAA GGAGGCTGAG GATGGCATT 480
TTGCTTATGA TGACTGTGGG GTGAACTGA CTATTGCTTT TCAAGCCAAG GATGTGGAAG 540
GATCTACTTC TCCTCAAATA GGAGATAAGG TTGAATTTAG TATTAGTGAC AAACAGAGGC 600
CTGGACAGCA GGTGCAACT TGTGTGCGAC TTTTAGGTCG TAATTCTAAC TCCAAGAGGC 660
10 TCTTGGGTTA TGTGGCAACT CTGAAGGATA ATTTTGGATT TATTGAAACA GCCAATCATG 720
ATAAGGAAAT CTTTTTCCAT TACAGTGAGT TCTCTGGTGA TGTGATAGC CTGGAAGTGG 780
GGGACATGGT CGAGTATAGC TTGTCCAAAG GCAAAGGCAA CAAAGTCAGT GCAGAAAAAG 840
TGAACAAAAC AACTCACTG AATGGCATT  CTGAGGAAGC TGATCCCACC ATTTACTCTG 900
GCAAAGTAAT TCGCCCCTG AGGAGTGTG ATCCAACACA GACTGAGTAC CAAGGAATGA 960
15 TTGAGATTGT GGAGGAGGCG GATATGAAAG GTGAGGTCTA TCCATTTGGC ATCGTTGGGA1020
TGGCCAACAA AGGGGATTGC CTGCAGAAAG GGGAGAGCGT CAAATTCCAA TTGTGTGTCC1080
TGGGCCAAAA TGCACAACT ATGGCTTACA ACATCACACC CCTGCGCAGG GCCACAGTGG1140
AATGTTGTA AGATCAGTTT GGCTTCATTA ACTATGAAGT AGGAGATAGC AAGAAGCTCT1200
TTTTCCATGT GAAAGAAGTT CAGGATGGCA TTGAGCTACA GGCAGGAGAT GAGGTGGAGT1260
20 TCTCAGTGT TCTTAATCAG CGCACTGGCA AGTGCAGCGC CTGTAATGTT TGGCGAGTCT1320
GTGAGGGGCC CAAGGCTGTT GCAGTCTCT GACCTGATCG GTTGGTCAAT CGCTTGAAGA1380
ATATCACTCT GGATGATGCC AGTGCTCCTC GCCTAATGGT TCTTCGTCAG CCAAGGGGAC1440
CAGATAACTC AATGGGGTTT GGTGCAGAAA GAAAGATCCG TCAAGCTGGT GTCATTGACT1500
AACCACATCC ACAAAGCACA CCATTAATCC ACTATGATCA AGTTGGGGGG AATCTGGTGA1560
25 AGGGTTCTGA ATATCTCCCT CTTTCATCCCT CCCGAAATCT GGAATACTTA TTCTATTGAG1620
CTATTACACC AGTTTTAACA CCTTCCTCCT GTTATGTTTA AAAAAATAAA TAAATTTAAG1680
AAAACCATTT TAAATAATGA AAAGTTGG 1708

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 532:

30

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2128 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 532

```

CTGTATCCTA ATTTCTTGGT GAATGAACTC ATTCTTAAAC AGAAGCAAAG ATTTGAGGAA 60
AAGAGGTTCA AATTGGACCA CTCAGTGAGT AGCACCAATG GCCACAGGTG GCAGATATTT 120
55 CAAGATTGGT TGGGAAGTGA CCAAGATAAC CTTGATTGG CCAATGTCAA TCTTATGTTG 180
GAGTTACTAG TGCAGAAGAA GAAACAAC TGAGCAGAA CACATGCAGC CCAACTACAG 240
ATTCTTATGG AATTCCTCAA GGTGCAAGA AGAAATAAGA GAGAGCAACT GGAACAGATC 300
CAGAAGGAGC TAAGTGTTTT GGAAGAGGAT ATTAAGAGAG TGGAAGAAAT GAGTGGCTTA 360

```

```

TACTCTCCTG TCAGTGAGGA TAGCACAGTG CCTCAATTTG AAGCTCCTTC TCCATCACAC 420
AGTAGTATTA TTGATTCCAC AGAATACAGC CAACCTCCAG GTTTCAGTGG CAGTTCTCAG 480
ACAAAGAAAC AGCCTTGGTA TAATAGCAGC TTAGCATCAA GACGAAAACG ACTTACTGCT 540
5 CATTTTGAAG ACTTGGAGCA GTGTTACTTT TCTACAAGGA TGTCTCGTAT CTCAGATGAC 600
AGTCGAACTG CAAGCCAGTT GGATGAATTT CAGGAATGCT TGTCCAAGTT TACTCGATAT 660
AATTCAGTAC GACCTTTAGC CACATTGTCA TATGCTAGTG ATCTCTATAA TGGTTCCAGT 720
ATAGTCTCTA GTATTGAATT TGACCGGGAT TGTGACTATT TTGCGATTGC TGGAGTTACA 780
AAGAAGATTA AAGTCTATGA ATATGACACT GTCATCCAGG ATGCAGTGGA TATTCATTAC 840
CCTGAGAAATG AAATGACCTG CAATTCGAAA ATCAGCTGTA TCAGTTGGAG TAGTTACCAT 900
10 AAGAACCTGT TAGCTAGCAG TGATTATGAA GGCAGTGTTA TTTTATGGGA TGGATTACA 960
GGACAGAGGT CAAAGGTCTA TCAGGAGCAT GAGAAGAGGT GTTGGAGTGT TGACTTTAAT1020
TTGATGGATC CTAAACTCTT GGCTTCAGGT TCTGATGATG CAAAAGTGAA GCTGTGGTCT1080
ACCAATCTAG ACAACTCAGT GGCAAGCATT GAGGCAAAGG CTAATGTGTG CTGTGTTAAA1140
TTCAGCCCTT CTTCAGATA CCATTTGGCT TTCGGCTGTG CAGATCACTG TGTCCTACTAC1200
15 TATGATCTTC GTAACACTAA ACAGCCAATC ATGGTATTCA AAGGACACCG TAAAGCAGTC1260
TCTTATGCAA AGTTTGTGAG TGGTGAGGAA ATTGTCTCTG CCTCAACAGA CAGTCAGCTA1320
AAACTGTGGA ATGTAGGGAA ACCATACTGC CTACGTTCCCT TCAAGGGTCA TATCAATGAA1380
AAAACTTTG TAGGCTCTGGC TTCCAATGGA GATTATATAG CTTGTGGAAG TGAAAATAAC1440
TCTCTCTACC TGTACTATAA AGGACTTTCT AAGACTTTGC TAACTTTTAA GTTTGATACA1500
20 GTCAAAAGTG TTCTCGACAA AGACCGAAAA GAAGATGATA CAAATGAATT TGTTAGTGCT1560
GTGTGCTGGA GGGCACTACC AGATGGGGAG TCCAATGTGC TGATTGCTGC TAACAGTCAG1620
GGTACAATTA AGGTGCTAGA ATTGGTATGA AGGGTTAACT CAAGTCAAAT TGTACTTGAT1680
CCTGCTGAAA TACATCTGCA GCTGACAATG AGAGAAGAAA CAGAAAATGT CATGTGATGT1740
CTCTCCCAA AGTCATCATG GGTTTTGGAT TTGTTTTGAA TATTTTTTTC TTTTTTCTT1800
25 TTCCCTCCTT TATGACCTTT GGGACATTGG GAATACCCAG CCAACTCTCC ACCATCAATG1860
TAACTCCATG GACATTGCTG CTCTTGGTGG TGTTATCTAA TTTTGTGAT AGGGAAACAA1920
ATTCTTTTGA ATAAAAATAA ATAACAAAAC AATAAAAGTT TATTGAGCCA CAAAAAAA1980
AAAAAAAATA AAAAAAATAA ACAAAGAGA AAACAAAGGT TACGAAGTAG CATATGTGAA2040
CTATAATGTA ACAGTGAATA ATTTGTAAAG TTCGTATTTC CCAACCTCTT TGGGAATTAC2100
30 ACATATCAAT ATAAACAAA TATAAAGT 2128

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 533:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 2640 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 533
- 55 CTAGCAAGCA GGTAACGAG CTTTGTACAA ACACACACAG ACCAACACAT CCGGGGATGG 60  
CTGTGTGTTG CTAGAGCAGA GGCTGATTAA AACTCAGTG TGTTGGCTCT CTGTGCCACT 120  
CCTGGAAAAT AATGAATTGG GTAAGGAACA GTTAATAAGA AAATGTGCCT TGCTAACTGT 180

```

GCACATTACA ACAAAGAGCT GGCAGCTCCT GAAGGAAAAG GGCTTGTGCC GCTGCCGTTC 240
AAACTTGTCA GTCAACTCAT GCCAGCAGCC TCAGCGTCTG CCTCCCCAGC ACACCCTCAT 300
TACATGTGTC TGTCTGGCCT GATCTGTGCA TCTGCTCGGA GACGCTCCTG ACAAGTCGGG 360
AATTTCTCTA TTTCTCCACT GGTGCAAAGA GCGGATTTCT CCCTGCTTCT CTTCTGTAC 420
5 CCGCGCTCCT CTCCCCCAGG AGGCTCCTTG ATTTATGGTA GCTTTGGACT TGCTTCCCCG 480
TCTGACTGTC CTTGACTTCT AGAATGGAAG AAGCTGAGCT GGTGAAGGGA AGACTCCAGG 540
CCATCACAGA TAAAAGAAAA ATACAGGAAG AAATCTCACA GAAGCGTCTG AAAATAGAGG 600
AAGACAAACT AAAGCACCAG CATTGAAGA AAAAGGCCCT GAGGGAGAAA TGGCTTCTAG 660
ATGGAATCAG CAGCGGAAAA GAACAGGAAG AGATGAAGAA GCAAAATCAA CAAGACCAGC 720
10 ACCAGATCCA GGTCTAGAA CAAAGTATCC TCAGGCTTGA GAAAGAGATC CAAGATCTTG 780
AAAAAGCTGA ACTGCAATC TCAACGAAGG AAGAGGCCAT TTAAAGAAA CTAAAGTCAA 840
TTGAGCGGAC AACAGAAGAC ATTATAAGAT CTGTGAAAGT GGAAAGAGAA GAAAGAGCAG 900
AAGAGTCAAT TGAGGACATC TATGCTAATA TCCCTGACCT TCCAAAGTCC TACATACCTT 960
CTAGGTTAAG GAAGGAGATA AATGAAGAAA AAGAAGATGA TGAACAAAAT AGGAAAGCTT 1020
15 TATATGCCAT GGAAATTAAA GTTGAAAAAG ACTTGAAGAC TGGAGAAAGT ACAGTTCTGT 1080
CTTCCAATAC CTCTGGCCAT CAGATGACTT TAAAAGGTAC AGGAGTAAAA GTTTAAGATG 1140
ATGGGCAAAA GTCCAGTGTA TTCAGTAAAG TGCTAATCAC AAGTTGGAGG TCAATGGCAC 1200
CGATGGCCTG GCACCAAGTG AAGTAGAGGA ACTTCTAAGA CAAGCCTCAG AGAGAACTC 1260
TAAATCCCCA ACAGAGTATC ATGAGCCTGT ATATGCCAAT CCCTTTTACA GGCTTACAAC 1320
20 CCCACAGAGA GAAACGGTGA CCCCTGGACC AAATTTTCAA GAAAGGATAA AGATTAAAAC 1380
TAATGGACTG GGTATTGGTG TAAATGAATC CATACACAAT ATGGGCAATG GTCTTTCAGA 1440
GGAAAGGGGA ACAAACCTCA ATCACATCAG TCCCATTCG CAGTGCCTC ATCCCGATC 1500
AGTGATTCAA CAAGCAGAAG AGAAGCTTCA CACCCGCAA AAAAGGCTAA AGGCTCCTTG 1560
GGAAGAATCG AATGTCATGC AGGACAAAAG TGACCCCTCT CCAAAGCCAA GGCTGAGCCC 1620
25 CAGAGAGACA ATATTGGGA AATCTGAACA CCAGAATTCT TCACCCACTT GTCAGGAGGA 1680
CGAGGAAGAT GTCAGATATA ATATCGTTCA TTCCCTGCCT CCAGACATAA ATGATACAGA 1740
ACCGGTGACA ATGATTTTCA TGGGGTATCA GCAGGCAGAA GACAGTGAAG AAGATAAGAA 1800
GTTTCTGACA GGATATGATG GGATCATCCA TGCTGAGCTG GTTGTGATTG ATGATGAGGA 1860
GGAGGAGGAT GAAGGAGAAG CAGAGAAACC GTCCTACCAC CCCATAGCTC CCCATAGTCA 1920
30 GGTGTACCAG CCAGCCAAAC CAACACCACT TCCTAGAAAA AGATCAGAAG CTAGTCCCTCA 1980
TGAAAAACAA AATCATAAAT CCCCCACAA AAATTCCATA TCTCTGAAAG AGCAAGAAGA 2040
AAGCTTAGGC AGCCCTGTCC ACCATTCCCC ATTTGATGCT CAGACAACTG GAGATGGGAC 2100
TGAGGATCCA TCCTTAACAG CTTTAAGGAT GAGAATGGCA AAGCTGGGAA AAAAGGTGAT 2160
CTAAGAGTTG TACCACCTAT ATAAACATCC TTTGAAGAAG AAATAAGAA GCATTTGCAA 2220
35 ATTTCTCTTC TGGATATTTT GTTTATTTT TCTGAAGTCC AAAAAATTAT CATTACAGTG 2280
TACCATATTA AGCCATGTGA ATAAGTAGTA GTCATTATTT GTGAAAAATT CCAAAAAGC 2340
TGGGAAAAAC AAATGTGTAA CTTTCCAGT TACTTGACAC GATTGAGTGG GGGAAAACCA 2400
GCATTTTSTA TTCTATTGAT ACCAAAGCAT TTCTAATAAG AGCTTGTTAA ATTTAAGAAT 2460
AAAGTTATTT AAAATATTCT GAGTATAGTA TATTAAGTGG CATTGTAATT TTGATGATAC 2520
40 AAAGATTGAA AGATCATAGG AAAGCATTGC CCTTCATCAC AGAAGTATTC AACTCTGACA 2580
AATAAATATG TCATCTGAA TTAATAATGC CTTAATAAAA GTACATCCTC CTGCTAAAAA 2640

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 534:

## 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1245 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 534

5  
10  
15  
20  
25  
30  
35  
40  
45  
50

TGCAGCGCGT GCGTGCTGCG CTA CTGAGCA GCGCCATGGA GGACTCTGAA GC ACTGGGCT 60  
TCGAACACAT GGGCCTCGAT CCCCGGCTCC TTCAGGCTGT CACCGATCTG GGCTGGTCGC 120  
GACCTACGCT GATCCAGGAG AAGGCCATCC CACTGGCCCT AGAAGGGAAG GACCTCCTGG 180  
CTCGGGCCCG CACGGGCTCC GGAAGACGG CCGCTTATGC TATTCGATG CTG CAGCTGT 240  
TGCTCCATAG GAAGGCGACA GGTCCGGTGG TAGAACAGGC AGTGAGAGGC CTTGTTCTTG 300  
TTCCTACCAA GGAGCTGGCA CGGCAAGCAC AGTCCATGAT TCAGCAGCTG GCTACCTACT 360  
GTGCTCGGGA TGTCCGAGTG GCCAATGTCT CAGCTGCTGA AGACTCAGTC TCTCAGAGAG 420  
CTGTGCTGAT GGAGAAGCCA GATGTGGTAG TAGGGACCCC ATCTCGCATA TTAAGCCACT 480  
TGCAGCAAGA CAGCCTGAAA CTTCGTGACT CCTGGAGCT TTTGGTGGTG GACGAAGCTG 540  
ACCTTCTTTT TTCCTTTGGC TTTGAAGAAG AGCTCAAGAG TCTCCTCTAG TCACTTGCCC 600  
CGGATTTACC AGGCTTTTCT CATGTCAGCT ACTTTTAACG AGGACGTACA AGCACTCAAG 660  
GAGCTGATAT TACATAACCC GGT TACCCTT AAGTTACAGG AGTCCCAGCT GCCTGGGCCA 720  
GACCAGTTAC AGCAGTTTCA GGTGGTCTGT GAGACTGAGG AAGACAAATT CCTCCTGCTG 780  
TATGCCCTGC TCAAGCTGTC ATTGATTGGG GGCAAGTCTC TGCTCTTTGT CAACACTCTA 840  
GAACGGAGTT ACCGGCTACG CCTGTTCTTG GAACAGTTCA GCATCCCCAC CTGTGTGCTC 900  
AATGGAGAGC TTCCACTGCG CTCCAGGTGC CACATCATCT CACAGTTCAA CCAAGGCTTC 960  
TACGACTGTG TCATAGCAAC TGATGCTGAA GTCCTGGGGG CCCCACGTCA ACGGGCAATG1020  
CGACCCCGGC GACGAGCCAA AACGGGGACA ATGGCCTCTC GATTCCTGGA ACGCACGGTC1080  
GTGGCCCTGG GGCAC TAGAC CTTCCACCAT CGTGTCTGCA TGTGCTCAAC TTTTGATCTT1140  
CCCCCCCAC CCCTGAGGCC TAACATCCAT CGAGCTTGGC AGGACAGCAA CGCGCTAACA1200  
ACCCAGGGCA TAGGTCTTAA CCTTTGGTGC TTTCCACGG AGGCG 1245

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 535:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 822 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 535

55  
AAGATCGGTC TTTGTCCTTA TCCTTATCCT TATTCTAATG GCAGTTAGAT GCNNTTCTTT 60  
AGAGGGGGCA ATGAGACAGC CAGGTGGGAA GGGGTCCCCA GAGAACTCC AGCCTGCACA120  
CTGGGAGGAG TGTGCACTGG GGTGAAGCCA CCGGAAGTTT GCGCCATCTC CAGTGGGGAA180

GAGCCCAGCC CCTCCTCTTC CTGGGTGGGA AACTGCGATT CAAACTGCCA GGTGGGAAGT240  
 CCATGGGCAG GAAACAGGCT CTCGNTTTCG TAAGAGTCTC TGTTTCCCCC TTTTTCCTT300  
 TATGCCTAAT TAATAAATTC CATTTTTCTC ACCCTTCAAA CAGCCTGTGA GCCTAAATTT360  
 TTGTGGCCAT GGGACAGACA AGGACCCCGT CTTGAGCTGA ACTAAGGAGA AAGTCCCCAA420  
 5 ACAATGGGAA GAAAGGCAGG GAGTAGACAT CCAATTTCTT GCGTGGGATT GTGGAGGGGT480  
 ACCATGGTTC TGACCAGATG TGTATCAGGA GCTGTGTTGC AGGAAGTCTC AGGAATGAAG540  
 TTGATAGCTT TCTTTCATC ACATGATGAC TGAAAAGACG AAGGCATCTA ATGAGTTAGA600  
 GTCACACCAT CTCATGCCCTG TATACTATCA AACAACTTT GGAAGCTAG CCTTGGTTGG660  
 GAAAACATCA TTTCTTAACT GAATGCCTGG ATGCAAGCAA AGTCTCATT TTGATCATGA720  
 10 TGAGGTTTAC CATGTCTTCT TGACAGGATC CTGCAAACAA ACCACAATT GCTACTATGA780  
 CATGCAACTC CATGGTTAAT TCCTTGGATA GCAATAGCT CG 822

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 536:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2703 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear  
 20  
 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA  
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  
 25  
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 30 (C) ORGAN:  
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library  
 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 536

AGTTCGGCAC AGGGGGAGGA ACCTGGCCCT GGGAGGAGGC TGTTGCGTGC TCCTAGAGAA 60  
 TCCCGTTCTG AAGGGAAGAG CATGTTTGCG GCGTCCCCA CCATGCGTGA GAGCTCCCCC 120  
 AAACAGTACA TGCAGTCGG AGGCAGGGTC TTGCTGGTTC TGATGTTTAT GACCTCCTT 180  
 40 CACTTTGACG CCAGCTTCTT TTCTATTGTC CAGAACATCG TGGNGCACAN GCTCTGATGA 240  
 TTTTNAGTGG CCATTGGTTT TAAAACCAAG CTGGCTGCTT TGACTCTTGT TGTGTGGCTC 300  
 TTTGCCATCA ACGTATATTT CAACGCCTTC TGGACCATTC CAGTCTACAA NGCCCATGCA 360  
 TGACTTCNT GAAATACGAC NTTCTTCCAG ACCATGTCGG TGATTGGGGG CTTGCTCCTG 420  
 GNTGGNTGGC CCTGGGCCCT NGGGGGTGTC TCCATGGATG AGAAGAAGAA GGAGTGGTAA 480  
 45 CAGTCACAGA TCCCTACCTG CCTGGCNTNA AGACCCNGTN GGCCGTC AAG GNACTGGNTT 540  
 CNGGGTGGGA TTCAACNAAA ANCTGNCCAG CTTTNNATGT ATCCTCTTCC CTTCCCTTCC 600  
 CTTGGTAAAG GCACAGATGT TTTGAGAANC TTTATTGCA GAGACACCTG AGAATNACAT 660  
 GGNCTCAGTC TGCTCTGGAG CCACAGTCTG GCGTCTGACC CTTGAGTNGC AGGCCNAGCC 720  
 TGGCANGCTG GNAAGCCNTC CCCCACGCC GAGGCTTNG GNAGTGAANC AGNCCCGCTT 780  
 50 NGGNCTGTGG CATNTCAGT CCNTATTTT GAGTTTTTT GTGGGGGTAN NCAGGAGGGG 840  
 GCCTTCAAGC TGTACTGTGA NGCAGACGCA NTTGGTATTA TCATTCAAAG CAGTCTCCCT 900  
 CTTNATTTGT AAGTTTNACA TTTTNNAGC GGAACTACT AAATTATTTT GGGNTGGTTC 960  
 AGCCAAACCT CAAAACAGTT AATCTCCNT GGNNTTNAAT ATCACACCAG TGGNCTTNG1020  
 ATGTTGTTTC TGCCCCGAT TNGTATTTTA TAGGNNATA GTGAAAACAT TTAGGNNACA1080  
 55 CCCAANAGAA TGATNGCAGT ATTAAGGGG TGGTAGAAGC TGCTGTTTAT GATAAAGTC1140  
 ATCGGTCAGA AAATCAGCTT GGATTNGGTG CCAAGTGNNN TTTTATTGGG TAACACCCTG1200  
 GGAGTTTTAG TAGCTTGAGG CAAGGTGGAG GGGCAAGAAG TCCTTGGGGA AGCTGCTGGT1260  
 CTGGGTNGCT NGCTGGCCTC CAAGCTGSCA GTGGGAAGGG CTAGTGNAGA CCACACANGG1320

GGTAGCCCN AGCAGCAGCA CCCTGCAANG CCAGCCNTGG CCNAGCTNNG CTCNAGACCA1380  
 GCNTTNGCAG ANGCCGCAGN CCGCTGTNNG GGCANGGGGG TGTNGGCAGG AGCTCCCNAG1440  
 CACTNNGNAG ACCCAGCGGAC NTCAACCCAG TTNACCTCAC ATGGGGCCNT TTTCNTGAGC1500  
 5 AAGGTCTNCG AAAGCGCAGG CCGCCCTGGN CTGAGCAGCA CCGCCCTTTC CCAGCTGCAC1560  
 TCGCCCTGTG GACAGCCCCG ACACACCANC TTCTCTNAG GCTGTGCTC ACTCAGATTG1620  
 TCCGTTTGCT ATGCCGAATG CAGCCAAAAN TTCTTTTTC CAATTTGTGA TGCCTTACCG1680  
 ATTTGATCTT AATCCTGTAT TTAAAGTTTT CTAACTGN NCCTTAACT GTGTTTCTCT1740  
 TTTTGGGGGA GCTTAAGTGC TTGTGCTCC CTGTCGTCTN GCACCATAGT AAATGCCACA1800  
 AGGGTAGTCG AACACCTCTC TGGCCCTAG ACCTATCTGG GGACAGGCTG GCTCAGNCTG1860  
 10 TCTNCCANGG GCTGCTGCGG CCCAGCCCCG AGCTGCTC CCTCTTGGNC CTCTCATCCA1920  
 TTGGNCTCTG CAGGGCANGG GGTGAGGCAG GTTCTNCGN TCATAAGTGC TTTTNGGAAG1980  
 TCACCTACCT TTTTAACACA GCCGAACAN GTCCCAACGC GNTTTCGAAA TATTCCTTN2040  
 GGTAGCCTAC TTNCCTTANC CCCCAGTA TAAGTAAGAT CGAGCAATGG NNCTTCAGGA2100  
 NCATNGGGTT CTCTTCTCCT GTGATCATTN CAAGTGCTCA CTGCNATNGA ANGACTNGGC2160  
 15 TTGNTCNTCA GTGTTTCNAA CCTNCACCAG GGCNTGTCTC TTGGTCCACN ACCTCGCTCC2220  
 CTGTTAGTGC CGTATGACAG CCCCNCATCN AAATGACCTT GGCCNAAGTN CACNGGTTTC2280  
 TCTGTGGTNC AAGGTTGGTT GGCTGATTGG TGGAAANGTN AGGGTGNGAC CNAAANGGAG2340  
 GNCCACGTGA NGCAGNTCNA GCACCANNGT TNCTGCANCC AGCAGCNGCC TCCGTNCCTA2400  
 GTGGGTGTTN CCTNGTTTCN TNCCTGGCCC NTGGGTNGGG CTNAGGGNCC TGATTGCGGN2460  
 20 AANGATGCCT TTGNCANGG AGGGGAGGAN TAAGTGGGAT CTACCNAANT TNGATTCTGG2520  
 CAAAACAANT TTCTAAGANT TTTTGTGCTT TATGTGGGNA AACAGATCTA AATCTCATTT2580  
 TATGCTGTAT TTTATATCNT TNAGTTGTGT TTGAAAACNG TTTNTGATTT TTGGAAACAC2640  
 ATCAAAATAA ATAATGGCGT TTGTTGTAAG AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA2700  
 AAA 2703

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 537:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2664 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 537

CTCCAGGGA GTGCTGAGTA GTGATGGTGT CTGGAGGGTC AAATCCATTC CCAATGGCAA 60  
 AGGTTCCCTCA CCACTCCCCA CCGCTACAAC TCCAAAACCA CTTATCCCTA CAGAGGCCAG 120  
 CATCAGGGTC TGGGGCACGA GCGGCACGAG CCATCTCCAT CCCCAGGAGCA TCTGTATGAT 180  
 TCAGAAGTAC AACCACGATG GGGAAGCAGG TCGGCTGGAG GCTTTTAGCC AAGGGGAAAG 240  
 TGTCTTAAAG GAACCCAAGT ACCAGGAAGA GCTGGAGGAC AGGCTGCATT TCTACGTGGA 300  
 55 GGAATGTGAC TACTTGCAGG GCTTCCAGAT CCTGTGTGAC CTGCACGATG GCTTCTCTGG 360  
 GGTAAGCGCG AAGCGGCAG AGCTGCTACA AGATGAATAT TCAGGGCGGG GAATAATAAC 420  
 CTGGGGCCTG CTACCTGGTC CCTACCATCG TGGGGAGGCC CAGAGAAACA TCTATCGTCT 480  
 ATTAACACA GCTTTTGGTC TCGTGCACCT GACTGCTCAC AGCTCTCTTG TCTGCCCTT 540

```

GTCCTTGGGT GGGAGCCTGG GCCTGCGACC CGAGCCACCT GTCAGCTTCC CTTACCTGCA 600
TTATGATGCC ACTCTGCCCT TCCACTGCAG TGCCATCCTG GCTACAGCCC TGGACACAGT 660
CACTGTTCTT TATCGCCTGT GTTCTCTCC AGTTTCCATG GTTCATCTGG CTGACATGCT 720
GAGCTTCTGT GGGAAAAAGG TGGTGACAGC AGGAGCAATC ATCCCTTTCC CCTTGGCTCC 780
5 AGGCCAGTCC CTTCTGATT CCCTGATGCA GTTTGGAGGA GCCACCCCAT GGACCCACT 840
GTCTGCATGT GGGGAGCCCT CTGGAACACG TTGCTTTGCC CAGTCAGTGG TGCTGAGGGG 900
GTATAGACAG AGCATGCCAC ACAAGCCACA GAACCAAAGG GACACCTCCA CCCTCTGCCC 960
TTCAATGCATG TACCACTGGG GAAGAAATCT TGGCTCAGTA TTTACAACAG CAGCAGCCTG1020
GAGTCATGAG TTCTTCCCAT CTGCTGCTGA CTCCCTGCAG GGTGGCTCCT CTTACCCCT1080
10 ACCTCTTCTC AAGCTGCAGT CCACCGGGTA TGGTCTGGA TGGTTCCCC AAGGGAGCAG1140
GTCTCTGTT TCCCTCTCCC TTCCACAGCA GTGGAGAGCA TCCAGTGTT TGGGGCACTG1200
TGTTCTCTT CGTCCCTGCA CCAGACCCTG GAAGCCTTGG CCAGAGACCT CACCAAACCTC1260
GACTTGCGGC GCTGGGCCAG CTTTATGGAT GCTGGAGTGG AGCACGATGA CGTAGCAGAG1320
CTGCTGCAGG AGCTACAAAG CCTGGCCCAG TGCTACCAGG GTGGTGACAG CCTCGTGGAC1380
15 TAAAGTCTCC AGTGTGGGAG AAGGAGCTA GTTTGCAATA AAAACAGCTG GATGCAGGAG1440
CCCACTGTCT TCATGCAGAG GAGCTCAATG TCGCGGGACT AGCTACACCA ACATATGCAC1500
TTTTTACATT TAGAAAGACT GTGATTAGAC CACAGAACAA TAAATATGTG CCATCAGACC1560
AAAAAAAGT AGAGAAAGGA GCTGAACCTC ACTCTCGATG CTATTTACAG AGGACATCTG1620
TAAAGTCTTC ATAAAAGACC TTGAATGATG CCTAGGATGG CAGAGCCCCT GGGTCCTACT1680
20 CCATCCTCCA GCCTTTGTCC TTGTCTTGGC CTCCTGCTCT CCAGATCTGT AAAGTGGGCT1740
CAAGGACTGT ACAAGCAGAG TACAACCTAC CCCTCCCCGG TGCCAGGGCG CCTCTTGGGT1800
TTGCTCCTGT GTAGATGATT CCCAGAGTCT CATTATCCA GCTCCTCTTC AGACAGAAGG1860
TCCCCATGGT CAGACAGCTG GTCTGCATTG CTGGTACTGG TTGCATCATC CTCATCCTCA1920
GAGCTGGCTT CACAGGCAGT GTGGAAGAGC TGCATGAGTT CTCGAAAACG GTGGGAAACC1980
25 TCAGCAGGGG TCTTATTTC CAGCTGCTGG GAGATGATGT TGAAGGTCTG TGGCTGTGCC2040
CCTTGCTCCT GGCACATGGT GAGGATCACA CGGTGAGCTT CCCTTGCTCA CAGGACAACC2100
TTTTCCCCAG TGGAGCTGAC CTTGCTGTTG TTGGCACACA CCGTAGCTTC TGCGGCCTTT2160
GGCTGCTGCT CCCCCCTGAG ACCCTTGGCC TGTGTTCCAC TGTCTTTAGC CAAACCCCT2220
CTAGGGGCTT TGGGAGAAGT CTCTGAGGTG TCAATTCCTG ATGGAGATTC ATGGACAGGG2280
30 CACGTCCTGT CTCTGTCTT CACCCTAGCT CTGCTTGAGG GCAGCCATCT CTCTTGAGTG2340
TCTGGTTTCC CGGACACATG TCTTCTCCCT GCATCTCTGG TCTTTGAGGA AACAGGACTC2400
AGGAAGGAAG CAGGGGGTTC CACGGTACCA GGCAATTTCT CAGTTTCTGA TGCATCCCAG2460
ACCAGCATCA AAGCCTCTGA CTCATCACT GCCTTTTGGC CCTCCCTCTC TTTCTGAAGT2520
CTGGGGGATG CTTGGGGCA GGAGCGAACC TCAGGCCCAA CCTGGTTTCT CTTAACAGTG2580
35 TACAGTACAG CTCCAGTTGT GGGGGGAAAT TGAGGAGTCT CTGGTGAATG AGGTGGTGGG2640
CCATCCAGGA GGAGCCGTTT TGTA
2664

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 538:

## 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3888 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 538

GAATTCCTCCGC CCGGACTGAC GGAGCCCCT GCGGTGCGGG CGTTGGCGCG GGCACGGAGG 60  
5 ACCCGGGCAG GCAGCGCAAG CGACCCCGAG CGGAGCCCGG GAGCCATGGC CCTGAGCGAG 120  
CTGGCGCTGG TCCGCTGGCT GCAGGAGAGC CGCCGCTCGG GGAAGCTCAT CCTGTTTCATC 180  
GTGTTCTCTG CGCTGCTGCT GGACAACATG CTGCTCACTG TCGTGGTCCC CATCATCCCA 240  
AGTTATCTGT ACAGCATTAAG GCATGAGAAG AATGCTACAG AAATCCAGAC GGCCAGGCCA 300  
GTGCACACTG CCTCCATCTC AGACAGCTTC CAGAGCATCT TCTCCTATTA TGATAACTCG 360  
10 ACTATGGTCA CCGGGAATGC TACCAGAGAC CTGACACTTC ATCAGACCGC CACACAGCAC 420  
ATGGTGACCA ACGCGTCCGC TGTTCCTTCC GACTGTCCCA GTGAAGACAA AGACCTCCTG 480  
AATGAAAACG TGCAAGTTGG TCTGTTGTTT GCCTCGAAAG CCACCGTCCA GCTCATCACC 540  
AACCCTTTCA TAGGACTACT GACCAACAGA ATTGGCTATC CAATTCCCAT ATTTGCGGGA 600  
TTCTGCATCA TGTGTTGCTC AACAATTATG TTTGCTTCT CCAGCAGCTA TGCCTTCCTG 660  
15 CTGATTGCCA GGTCGCTGCA GGGCATCGGC TCGTCCTGCT CCTCTGTGGC TGGGATGGGC 720  
ATGCTTGCCA GTGCTACAC AGATGATGAA GAGAGAGGCA ACGTCATGGG AATCGCCTTG 780  
GGAGGCTGG CCATGGGGT CTTAGTGGGC CCCCCCTTCG GGAGTGTGCT CTATGAGTTT 840  
GTGGGGAAGA CCGCTCCGTT CTTGGTGGT GCGCCCTTGG TACTCTTGGA TGGAGCTATT 900  
CAGCTCTTTG TGCTCCAGCC GTCCCGGGTG CAGCCAGAGA GTCAGAAGGG GACACCCCTA 960  
20 ACCACGCTGC TGAAGGACCC GTACATCTC ATTGCTGCAG GCTCCATCTC CTTTGCAAAC1020  
ATGGGCATCG CCATGCTGGA GCCAGCCCTG CCCATCTGGA TGATGGAGAC CATGTGTTCC1080  
CGAAAGTGGC AGCTGGGCGT TGCCTTCTTG CCAGCTAGTA TCTCTTATCT CATTGGAACC1140  
AATATTTTTG GGATACTTGC ACACAAAATG GGGAGGTGGC TTTGTGCTCT TCTGGGAATG1200  
ATAATTGTTG GAGTCAGCAT TTTATGTATT CCATTTCCAA AAAACATTTA TGGACTCATA1260  
25 GCTCCGAACT TTGGAGTTGG TTTTGCAAAT GGAATGGTGG ATTGCTCAAT GATGCCTATC1320  
ATGGGCTACC TCGTAGACCT GCGGCACGTG TCCGCTCTATG GGAGTGTGTA CGCCATTGCG1380  
GATGTGGCAT TTTGTATGGG GTATGCTATA GGTCCTTCTG CTGGTGGTGC TATTGCAAAG1440  
GCAATTGGAT TTCCATGGCT CATGACAATT ATTGGGATAA TTGATATTCT TTTTGCCCT1500  
CTCTGCTTTT TTCTTCGAAG TCCACCTGCC AAAGAAGAAA AAATGGCTAT TCTCATGGAT1560  
30 CACAACAGCC CTATTAACAA AAAAATGTAC ACTCAGAATA ATATCCAGTC ATATCCGATA1620  
GGTGAAGATG AAGAACTCTGA AAGTGACTGA GATGAGATCC TCAAAAATCA TCAAGTGT1680  
TAATTGTATA AAACAGTGTT TCCAGTGACA CAACTCATCC AGAACTGTCT TAGTCATACC1740  
ATCCATCCCT GGTGAAAGAG TAAAACCAA GGTATTATT TCCCTTCCAT GGTATGTT1800  
GATTGCCAAC AGCCTTATAA AGAAAAAGAA GCTTTTCTAG GGGTTTGTAT AAATAGTGT1860  
35 GAACTTTTAT TTTATGTATT TCATTTTATT AAATATCATA CAATATATTT TGATGAAATA1920  
GGTATTGTGT AAATCTATAA ATACTTGAAT CCAAACCAA TATAATTTT TAACCTACAT1980  
TAACAAACAT TTGGCAAAA ATCATATTGG TAATGAGTGT TTAATAATTA AGCACACATT2040  
ATCTCTGAGA CTCCTCCAAC AAAGAGAAAC GAATGAAG TCTGAAAAAC AGAATCAAGT2100  
AAGACAGCAT GTTATATAGT GACACTGAAT GTTATTTAAC TTGTAGTTAC TATCAATATA2160  
40 TTTATGCGTT AAACAGCTAG TTCTCTCAAG TGTAAGAGGAC AAGAACTTGT GTCAGTTATC2220  
TTTTGAATCC ATAAATCTTA GCTGGCATTG GTTTTCTATG TAATCACCTA CCTAGAGAGA2280  
GTTGTAATTT ATATGTTAAC ATGTATCTG GTTGGCAGCA AACACTAAAG CCAATAAAGG2340  
AAAAACAGTA AATGTTCCGA AAGCAGAGAA AAGCAACCAA ACATATTGTT ATGAACTAAA2400  
AGCTTTCCCT TTAAGATGCA TACTTGCTT ACTGGATGAA GAAAATTGAG GGTACATGTA2460  
45 CCTTATCTG TCAAGGTTGT TTAACATGA TAAGGTTAAT CGCCATCTAC TTCAAGTTT2520  
AGAAAAGGAA ACAAGAAGCT AAAACAGCT GCTCTGACTT TAATATCTGA CTATATCTT2580  
GATCTGTTTG CAGGTCATCC AAGTGTTTT TAGGAATATA TTTATTTTAG GTTGTCTGAA2640  
ACTACTATTT TTTAGACTCC TGAAAGTTGT TCACATCAAT GTGAAGACAA ATTTTAAATG2700  
AAAATGAAGA ATGAAATTAT GTCTTGAATC ATATATTAAG AAGTAAAAAT AATAGTGATC2760  
50 AGGCAGAAAA GAAAAATGGA ACATCTAAAA ATGTATGTGC TAACATATATC ATCCAGTGTG2820  
CAGTGTGTG TATTTTCTA AGCATGACAA CATTGATGTG CCTTTTCAGT GTAACAGCAA2880  
ATACTGTAG TGAACATTGT CAATTTATGT CATTTTGTTA AGAGATATGA CTGGAGTGTG2940  
CAGTGTGGAA TGTCTCTAAT ACTACTTGAG AATCCTGCAG TTCTATAATC ATAAACAAA3000  
ATTACTTAGT TTCGTTAAGC TAAGATTGTG TTTGTGTTAA CTTCGACATC AAGGAGCAA3060  
55 GAACTTTAGA ACAGACTCCT CAATCTGTG ACTTTCTTAT TCTCTAGGAA AGTAACACTT3120  
CGTTTCATGA AGCTTTTCTG TGGGCTTCG ATTAATTCAA GTCTGGTTTC TAAGTGCAGT3180  
GTGTTTGAAG CAAACGAACT TCCAACCTAC TTATTTGGCA TTGGGCAACT TGGCCAAAGT3240  
TGCTACTTTG GAAGATGGCT CTGGAGGAAA CTCTCATATG GCTAAAAAGG CAGGCTAGTT3300  
TCTTACTTCT ACAGGGGTAG AGCCTTAAAA AAGAACGTGC TACAAATTGG TTCTCTTGA3360  
60 GGGTTTCTGG TTCTCCCTGC CCCCATAACC ATATACTTTA TTGCAATTTT ATTTTTCCT3420  
TTACGGCTCT GTGTCTTTCT GCAAGAAGGC CTGGCAAAGG TATGCCTGCT GTTGTCTCCT3480  
CGGGATAAGA TAAATATATA ATAAACCTT CAGAACTGTT TTGGAGCAAA AGATAGCTTG3540

TACTTGGGGA AAAAAATTCT AAGTTCTTTT ATATGACTAA TATTCTTGGT TAGCAAGACT3600  
GGAAAGAGGT GTTTTTTTAA AATGTACATA CCAGAACAAA GAACATACAG CTCTCTGAAC3660  
ATTTATTTTT TGAACAGAGG TGGTTTTTAT GTTTGGACCT GGTAATACAG ATACAAAAAC3720  
TTTAATGAGG TAGCAATGAA TATTCAACTG TTTGACTGCT AAGTGTATCT GTCCATATTT3780  
5 TAGCAAGTTT ACTTAATAAA TCTTCTGAAC CATGTTTTGT GCCTGTTTGT ATTCCTTTAT3840  
AAACCAAATG TTGTTGGAAT AAAATACATA AGGTATCATT TTGAQCGT 3888

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 539:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 539

AAACCCTCTT GGCTGTCTGC TGTCCAGGGA GTCGCCACTC CCTTCATTAT AGCCTTGCTC 60  
AGAGTGCAGC GGCAGGCTG GGGATGGCCT CGGGAGAGGG ACCACAGAGC ACCAGCCTGC 120  
ATGGAAGTTC CTTCTCACT CAGCTTCCCA CGTTGCCAGC TGGGACAGGG GAGATGGAGT 180  
35 AATTTTGCTG TGGAAAGACT TCACGTCTTG CCGAATGAAA GTCCCGCCTG TCTGTCACGC 240  
TGATGCCCGT GCAGCTGTCT GAGCACCCGG AATGGAATGA GTCTATGCAC TCCCTCCGGA 300  
TCAGTGTGGG GGGCCTTCCT GTGCTGGCGT CCATGACCAA GGCCGCGGAC CCCCCTTCC 360  
GCCCCGCTG GAAGGTGATC CTGACGTTCT TTGTGGGTGC TGCCATCCTC TGGCTGCTCT 420  
GCTCCACCG CCCGGCCCCC GGCAGGCCCC CCACCCACAA TGCACACAA TGGAGGCTCG 480  
40 GCCAGCGGCC CGCCAACTGG TACAATGACA CCTACCCCT GTCTCCCCA CAAAGGACAC 540  
CGGCTGGGAT TCGGTATCGA ATCGCAGTTA TCGCAGACCT GGACACAGAG CCAACCGCCC 600  
AAGACGAAAA CACCTGGCGC AGCGACCTGA AAAAGGGCTA CCTGACCCTG TCAGACAGTG 660  
GGGACAAGGT GGCCGTGGAA TGGGACAAAG ACCATGGGGT CCTGGAGTCC CACCTGGCGG 720  
AGAAGGGGAG AGGCATGGAG CTATCCGACC TCAATGTTT CAATGGGAAA CTCTACTCCG 780  
45 TGGATGACCG GACGGGGGTC GTCTACCAGA TCGTAGGCAG CAAAGCCGTG CCCTGGGTGA 840  
TTCTGTCCGA CGCGACGGC ACCGTGGAGA AAGGCTCAA GGCCGAATGG CTGGCAGTGA 900  
AGGACGAGCG TCTGTACGTG GCGGCGCTGG GCAAGGAGTG GACGACCACT ACGGGTGATG 960  
TGGTGAACGA GAACCCGGAG TGGGTGAAGG TGGTGGGCTA CAAGGGCAGC GTGGACCACG1020  
AGAAGTGGGT GTCCAACTAC AACGCCCTGC GGGCTGCTGC CGGCATCCAG CCGCCAGCTA1080  
50 ACCTCAATCA TGAGTCTGCC TGCTGGAGTG ACACGCTGCA GCGCTGGTTC TTCCTGCCGC1140  
GCCGCGCCAG CCAGGAGCGC TACAGCGAGA AGGACGACGA GCGCAAGGGC GCCAACCTGC1200  
TGCTGAGCGC CTCCCCTGAC TTCGGCGAGA TCGCTGTGAG CCACGTCGGG GCGGTGGTCC1260  
CCACTCACGG CTTCTCGTCC TTCAAGTTCA TCCCAACAC CGACGACCAG ATCATTGTGG1320  
CCCTCAATC CGAGGAGGAC AGCGGCAGAG TCGCCTCCTA CATCATGGCC TTCACGCTGG1380  
55 ACGGGCGCTT CCTGTTGCCG GAGACCAAGA TCGGAAGCGT GAAATACGAA GGCATCGAGT1440  
TCATTTAACT CAAAACGAA AACTGAGCA AGGCCATCAG GACTCAGCTT TTATAAAAAC1500  
AAGAGGAGTG CACTTTTGT TTGTTTGT CTTTTTGGAA CTGTGCCTGG GTTGGAGGTC1560  
TGGACAGGGA GCCCAGTCCC GGGCCCCATA GTGGTGCGGG CACTGGACCC CCGGGCCCCA1620

CGGAGGCCGC GGTCTGAACT GCTTTCCATG CTGCCATCTG GTGGTGATTT CGGTCACTTC1680  
 AGGCATTGAC TCAAGGCGTG CCTAACTGGC TGGGTCGTTT CTTCCATCCG ACCTCGTTTC1740  
 TTTTCTTTCC TATGTTCTTT TGTTTCAGTGA ATATCCCTAG AGCTCCTACC ATATGTCAGG1800  
 5 CCCTATGCCT CACCCTGAGA ACGCAGTGAG CATGAGGTGG ACCTGTTTGC TGGGAACCCC1860  
 AGGTCACCCC CTTTCTTTCC CAAACTTGGT GCCTTGGAAG AATCAGGTCC AGCCCTGAAG1920  
 ATCCTTTGGGG AAGAAAATGT TTATGTTGCA GGGTATTGCA TGGTCACGAG TGAGGGGCAG1980  
 GCCCCTGGGG GACACATCTG CCCACAGCTG CACAGGCCAG GGGCACAGGC ACATCTGTTG2040  
 GTTCTCAGGC CTCAGATAAA ACCATCTCCG CATCATATGG CCAGTGACCG CTTTCTCCCT2100  
 10 TCAAGAAAAT TCTGTGGCTG TGCAGTACTT TGAAGTTTTA ATTATTAACC TGCTTTAATT2160  
 AAAGCAGTTT CTTTCTTAT AAAGTGGAAT CACCAAATCT TATCACACAG AGCACAGTCC2220  
 TGATGTTACC CAGCCCCTC CAGCAGTCCG GGAGATTGTA AGGAAGCGGT GGCGGCTGGT2280  
 GAAGCAAGTC TCACATGTCG GCGTCTTGG CCAATGGATA CAAAGATAAA GAAAATGTTG2340  
 CCTTTTCTA GGAAGTGTCA GAAATCCTCA TGCCTTTCAA GACTTCTGTG AATGACTTGA2400  
 ATTTTTTATT CCCTGCCTAG GGTCTGTGAA CGAGGCCGTG CTCTTCCCTG GGGTTTCTTT2460  
 15 CCATGGCCTT TATTTCTCCT CTTCCAGTGG GAGTTTTGCA GGCTCTTCTC TGTGGAACT2520  
 TCACAGCGT TGGCTGGGCC TCGGCTTCGC TGGAGTGAC TCCAGGGTGA AGGCAGAGTG2580  
 GGATTTGAGA CCCAGGTTAG GCACGACCA GGCTGAGAAG GGACGTTTCC ATCATTACA2640  
 GTGCCCTCCC CACAGCAACT ACCTCACCCC GACCCCCACC CTCCTCCTA CCCCACCCCG2700  
 CGATCGTCAG GGGTGCCACG GTGGGCCGGA GGGTGCCGGC TCTGGCTGTC CCTGTGCCGG2760  
 20 TCCCTCACAA ACCTCTCCCC CTTTGAACT CAAGCACAGC TGCGAGGAGG GCAGCGAGGA2820  
 GGGACCCCTC TCTCATGGTT GTCTCTTTCC CCCGCTATGT CATAGGTAGT GGAGGAAGCG2880  
 AAGGAAGTGA ACGCTGAATG TGACGCATTT CTGAAGAGCT CAGCTGTCAC CGGGCATAGC2940  
 CTGGAAGCCC CAAGTCTGTT CTGACTTTGC CTGGCTGTCT CCTTGACCCG CCTCTAGAT3000  
 CATGTCTCCT GATGTCCAGG CTGGGTCAAT TAAATAGAG ATGCAATCAG GAAGGTTGGG3060  
 25 GGAAGTGGGA CTGTGGCTGA ATTGAGACCT TGCTGATGTA TTCATGTCAG CACCTGAGTC3120  
 ACAGCCCAGG TGCCCGGAAG CAGCCTCTTC GCATAGGCAG TGATTTGCCA TTACTTTAAA3180  
 GCTCACCTTT TTTCTTCCCC TCTCTGTTG CTGCTGTCAG CATAATGATT GTGTTCTTC3240  
 CCTATGGGAT CCATCTGTTT TGTAACAAT AAAGCGTCTG AGGGAGTGTA AAAACAGAT3300  
 GGAT 3304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 863 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 540

CAGGATTGAA ACAAGATGGC GGGTTCGTGG TGAGAAGCCG TCAAGGAGTA GAAATTGGTA 60  
 TGCTTAGAAG CAGATTCTAA AAGCAGTTTC TCTTCAGAAC ATCTTTTTTC ATACCACTTG120  
 ATAAGCATCT TGAAACACCA TGGCTGTAGC TGCAGTAAAA TGGGTGATGT CAAAGAGAAC180  
 TATCTTGAAA CATTATTTC CAGTCCAAAA TGAGCTTTA TATTGTGTTT GTCATAATC240

TACGTATTCT CCTCTACCAG ATGACTATAA TTGCAACGTA GAGCTTGCTC TGACTTCTGA300  
 TGGCAGGACA ATAGTATGCT ACCACCCTTC TGTGGACATT CCATATGAAC ACACAAAACC360  
 TATCCCTCGG CCAGATCCTG TGCATAATAA TGAAGAAACA CATGATCAAG TGCTGAAAAC420  
 CAGATTGGAA GAAAGATTG AACACCTTGA GGAAGGACCT ATGATAGAAC AACTTAGCAA480  
 5 AATGTTCTTT ACTACTAAGC ACCGTTGGTA TCCTCATGGA CGGTATCACA GATGTCGTAA540  
 GAATCTGAAT CCTCCAAAAG ACAGATGATG CGGAGGTTCC TGGGGGAATC AAAGAGAAAT600  
 GTGCCCTATT TGCCATTGTA GAAAATGCAG TCTGGTGTAT TCAGTAATAT ATAGTAAAGT660  
 AATAATGATA AAATATCTTT TCATATATTA GAATGTGTAC TTTTATATAA AGTAATTCTG720  
 GATTTGACAT TCTCATTTAG AGAGACCTAT TCCTTTTTTC GTTTTCTATT TTAGTGTTC780  
 10 ATTTATGTGC GGTCTCCAAT TTAGGACTTT TCCATAGTGC CAAAGCCATA CATATTCAGT840  
 AGAACATCAA TAAAAA AAA 863

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 541:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear  
 20  
 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA  
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN  
 25  
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN  
 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 30 (C) ORGAN:  
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library  
 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 541

ACCGACGGCC GCCCCTTTTC GTCTTTTTTT TTTTACATT TCAAATATAT TTTATTACTT 60  
 TCCATCTTAG AAAGAATATG AAACCTGCAT GCAATGCTAA TGGTTTCTGA CATGTACATA 120  
 GCATATAACA CAGCAGTACA ATGCGGCATA TACTGGGGGG CAGTGTGTGG AGGGGGCGTT 180  
 40 CTTAAGGGTA TATGTACAGA GGAAGGGCG CATGGTCATC TTAGCTTTTCG AAAGAGGACT 240  
 GCACTGTTTA ACATTGAAGA ATTACATGGG GAATCACAAA TATATTGCTT TAGTACTGCA 300  
 TGTCTGTGTTG TGGTGAGGGA AAGAAACATG CTTTGAAGGT TTTCCCTTGT CAACAGAATG 360  
 TGTGTCTGTA GCTGTGTATT GCGCATGTAT TCATATATTT TTAAGTTTTT TCCTAAGGTT 420  
 TTTGCTGACA GTGTTGGGAA CCTCACATGC TTCTGAAGCA TTAAATATTG AACCTGTGAA 480  
 45 CCTTTCAGAA ATCCTCAGGT TGGGAAAGAC CCCACACCTT CTTTAAGGAT CATTTGTCTC 540  
 GCCATCACAG GATCTTGGAA ATGTTTCCTA GGGTGTGTAA AAATTAACCA GGGGGGAATG 600  
 AAGCACATTT TTCTGGCAAC CAACTTGAG TTCCTCAGAG AACAGATGCA GAGAGACCTG 660  
 CTCTGCTTG CCCGGCTACA GGGGCCACTG TGGAGTCACA CTGAGGCTGT GACCGGCCAT 720  
 AAGCCCAGGA GAGCCCGTGG CAGCTGTGCC GAGGCGCCAG GACCTCTAAG CGGAAGCTTC 780  
 50 CCAAGCTAGG AATGGAGCAA CACTGCAATG AAATGTGTCC ACCAAGCTCA TTGTTCTCTC 840  
 CGGGCGCTTA TAAAGCTCAG ATGTATAGTG ACGTATGGAC AAATACAAAA AAAAAAGAA 900  
 AAAAAAGCC TTTCTTTCTC ACAGGCATAA GACACAAATT ATATATTGTT 960  
 ATGAAGCACT TTTACCAAC GGTCAATTTT TACATTTTAT AGCTGCGTGC GAAAGGCTTC1020  
 CAGATGGGAG ACCCATCTCT CTGTGTCTCC AGACTTCATC ACAGGCTGCT TTTTATCAAA1080  
 55 AAGGGGAAAA CTCATGCCTT TCCTTTTTAA AAAATGCTTT TTTGTATTG TCCATACGTC1140  
 ACTATACATC TGAGCTTTAT AAGCGCCCGG GAGGAACAAT GAGCTTGGTG GACACATTTTC1200  
 ATTGCACTGT TGCTCCATTC CTAGCTTGGG AAGCTTCCGC TTAGAGGTCC TGGCGCCTCG1260  
 GCACAGCTGC CACGGGCTCT CCTGGGCTTA TGCCCGGTCA CAGCCTCAGT GTGACTCCAC1320

```

AGTGGCCCCT GTAGCCGGGC AAGCAGGAGC AGGTCTCTCT GCATCTGTTC TCTGAGGAAC1380
TCAAGTTTGG TTGCCAGAAA AATGTGCTTC ATTCCCCCCT GGTAAATTTT TACACACCCT1440
AGGAAACATT TCCAAGATCC TGTGATGGCG AGACAAATGA TCCTTAAAGA AGGTGTGGGG1500
5 TCTTTCCCAA CCTGAGGATT TCTGAAAGGT TCACAGGTTC AATATTTAAT GCTTCAGAAG1560
CATGTGAGGT TCCCAACACT GTCAGCAAAA ACCTTAGGAG AAAACTTAAA AATATATGAA1620
TACATGCGCA ATACACAGCT ACAGACACAC ATTCTGTTGA CAAGGGAAAA CCTTCAAAGC1680
ATGTTTCTTT CCTCACCAC AACAGAACAT GCAGTACTAA AGCAATATAT TTGTGATTCC1740
CCATGTAATT CTTCAATGTT AAACAGTGCA GTCCTCTTTC GAAAGCTAAG ATGACCATGC1800
GCCCTTTTCT CTGTACATAT ACCCTTAAGA ACGCCCCCTC CACACACTGC CCCCAGTAG1860
10 TACGCAGGCA TTGGTACCGG CTGGTGTTAA AATGGCTATG GGACATGGTC AGGAAACCAT1920
TTAGGCATTG GCATTGAGGG TTCCATAATC CGTTTCTAAG GA 1962

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 542:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1772 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 542

```

TGGGCGCTGT AGTCCGGCCG GAACCTGTTT GCGACCCCGA GTCCCATGAC ACCGCTTCTC 60
CTCACACCCC AGTCCGCAGT GCCCTCCCCC AGCCTCGGCC GGGCTCCCG GGAGCCGGGC 120
40 GTGGCGTTCC AGCTAGTGAG CCGTTTCTCC CCTGGGCTCG GAGCGGGAAG CTTGAGGGGC 180
GCGGGGAGGA GCTTCGCGTG CGGGGTGAAC GCCCGCTCTA CGTGCTCGTT CTCTTCGCGA 240
CCGCTGCGCG CGAGCCCCGT GTCCCCACGG CGGGCAGCAG CGCCGGCGGC GCGGCTGAA 300
CGCGGAGGGG GCGGAGGGAG CCCGCGGCGG CGGCAGAGC TACAGCGAAA TGGCGGAGAC 360
CGTGGCTGAC ACCCGGCGGC TGATCACCAA GCCGAGAAC CTGAATGACG CCTACGGACC 420
CCCCAGCAAC TTCTCGAGA TCGATGTGAG CAACCCGCAA ACGGTGGGGG TCGCCGGGG 480
45 CCGCTTCAAC ACCTACGAAA TCAGGTCATA GACAAATCTT CCTATTTTCA AGCTGAAAGA 540
ATCTACTGTT AGAAGAAGAT ACAGTGACTT TGAATGGCTG CGAAGTGAAT TAGAAAGAGA 600
GAGCAAGGTC GTAGTTCCCC CGCTCCCTGG GAAAGCGTTT TTGCGTCAGT TCCTTTTAGA 660
GGAGATGATG GAATATTTGA TGACAATTTT ATTGAGGAAA GAAACAAGG GCTGGAGCAG 720
50 TTTATAAACA AAGTCGCTGG TCATCCTCTG GCACAGAACG AACGTGTCT TCACATGTTT 780
TTACAAGATG AAATAATAGA TAAAGCTAT ACTCCATCTA AAATAAGACA TGCTGAAAT 840
TTGGCAAGAA GGGGCAAAA CGTGACTATT AATGATTGAT AAGCACCAGT GAAGAAGTTC 900
TAACTTTATG CATGCTGCAC AGAACTGGT ATAACATGCC TTCAGTATAC TAACACTCAT 960
ATGCTCAGTT TTGTTTGTG TTGTCAGTTG ACAGAAGTT AATTGCTTT AGTAAAAATC1020
CCTCATTTCA GCCTTTCTAT ATAAATAGCT CTTTCTTGCT GTTTAATGT GGTGCACACT1080
55 ATAGCCTCAC AAACCTGTTA TTCCAGTGTA ATCTGCAGTG TCGTAATAA AGTTACTGGC1140
TTGGTCTTAT TTGCACAGTT TTTGCGTCTT GTTGTCTTCT TGCATCTGAT TAACTAGAAT1200
ATTTCTCTTT CCCCCTTTTA ATTTGTGATG TCACTTGACC CCATTTATGT GTAGGAGCAC1260
TACACCATTG GTTTCCAATA CTGCACACAT AAGATACATA CTTGTGTGCA GAAAGTATCT1320

```

TCCTCCAGGC TTGTAATACC CTTACATGG AAGATTAATG AGGGAAATCT TTATATTCTG1380  
 TATAAAACA AAAGCAAATT TATATACTAA AATCATTTGT CTAATAATTT AAGTTGTTTT1440  
 CAAATAAAAA TTAAATGCA TTTCTGATAT GCACTGATTG TGTGCGCTCC AGCTTTTTTTT1500  
 GGTGCTATG AGTGAATACT TAAGTCACTT GTTGAGAGGG ATTATTTACT AATTATATAC1560  
 5 TTCTCATTCC TGTAACCTCA TTCCCTTTAA ACAGTGGTGA TATCAAATAT ACTTCCATCC1620  
 ATTGAATGGG GTATTTTAA CAACAACAAA AGTGATATAC TAAAAAATGT ATTGCTTAAG1680  
 GCTTATTGAA TCATTTTGAA GCACTTTGTG TATTTGAAA CTGCTTTATA ATCTCATTTA1740  
 TTAAAGGAC TTCAAAGAT AAAACCAAAA AA 1772

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1009 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 543

CTCGTGCGGT GATGTTGAGC AGAAGATACA ATTCAAAAGA GAAACAGCCA GTTTGAAACT 60  
 35 GTTACCCAC CAGCCCCGAA TTGTGGAGAT GAAGAAAGGA AGCAATGGCT ATGGTTTCTA 120  
 TCTGAGGGCA GGCTCAGAAC AGAAAGGTCA AATCATCAAG GACATAGATT CTGGAAGTCC 180  
 AGCAGAGGAG GCTGGCTTGA AGAACAATGA TCTGGTAGTT GCTGTCAACG GCGAGTCTGT 240  
 GGAACCCCTG GATCATGACA GTGTGGTAGA AATGATTAGA AAGGGTGGAG ATCAGACTTC 300  
 ACTGTTGGTG GTAGACAAAG AGACGGACAA CATGTACAGA CTGGCTCATT TTTCTCCATT 360  
 40 TCTCTACTAT CAAAGTCAAG AACTGCCCAA TGGCTCTGTC AAGGAGGCTC CAGCTCCTAC 420  
 TCCCCTTCT CTGGAAGTCT CAAGTCCACC AGATACTACA GAGGAAGTAG ATCATAAGCC 480  
 TAACTCTGC AGGCTGGCTA AAGGTGAAAA TGGCTATGGC TTTCACCTAA ATGCGATTCC 540  
 GGGTCTGCCA GGCTCATTCA TCAAAGAGGT ACAGAAGGGC GGTCTGCTG ACTTGGCTGG 600  
 GCTAGAGGAT GAGGATGTCA TCATTGAAGT GAATGGGGTG AATGTGCTAG ATGAACCTTA 660  
 45 TGAGAAGGTG GTGGATAGAA TCCAGAGCAG TGGGAAGAAT GTCACACTTC TAGTCTGTGG 720  
 AAAGAAGGCC TATGATTATT TCCAAGCTAA GAAATCCCT ATTGTTCCCT CCCTGGCTGA 780  
 TGCCAGTTGA CAGCCCTGCA GGTTCTAAAG AAGGAATAGT GGTGGAGTCA AACCATGACT 840  
 CGCACATGGC AAAAGAACGG GCGGCTATTG CAGACGGCTA ATTTATGCTT AACTTAGGAA 900  
 GAGATAAGGT TCCTTGAGCA CCAAAGATGA TTCATACTC TGTATAGGTG ACAGCTGCTT 960  
 50 ATAAAGCAT CTTAGCAGAT AAGCCTATTA AAATTGTGCT TTTGTAACA 1009

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55 (A) LÄNGE: 2834 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 544

```
20 CACTTTGCGG GCGGCACTTT TTCCAGGTTG TTAATCCAGC TAATGGAGAA GGATAGATGC 60
   ACGCTACTTG GTTTAGAAAA AAAAACAAAA ATGAGCAAAC GAGACGCCCC TTCCGTTTTA 120
   TGATAACTAA GCTGCAGGGA AATAAATCGG CTGGCCCTAC TGCAATCTAC TGCCTCGAG 180
   AAACATCACA GAAAATTCTT TGATTTATCT TAATAGTGAC AAGTGAGCCT GCTTCTGTCA 240
   ATTACTGAAG CTATAAGGAG ATTTTTTAAA AATTAACTT CAACACAATG AGGTGTTGCC 300
25 ACATCTGCAA ACTTCCTGGG AGAGTAATGG GGATTCGAGT GCTTCGATTA TCTTTGGTGG 360
   TCATCCTCGT ATTATTACTG GTAGCTGGTG CTTTGACTGC CTTACTTCCC AGTGTTAAAG 420
   AAGACAAGAT GCTCATGTTG CGTAGGAAA TAAATCCCA GGGCAAGTCC ACCATGGACT 480
   CCTTTACTCT CATAATGCAG ACGTACAACA GAACAGATCT CTTATTGAAA CTTTTAAATC 540
   ATTATCAGGC TGTACCAAAT CTGCACAAAG TGATTGTGGT ATGGAACAAT ATTGGAGAGA 600
30 AGGCACCAGA TGAGTTATGG AATTCTCTAG GGCCCCACCC TATCCCTGTG ATCTTCAAC 660
   AACAGACAGC AAACAGGATG AGAAATCGAG TCCAGGTCCT TCCTGAACATG GAAACCAATG 720
   CAGTGTTGAT GGTAGATGAT GACACACTCA TCAGCACCCC AGACCTTGTT TTTGCTTTCT 780
   CAGTTTGCCA GCAATTCCTT GATCAAATG TAGGATTTGT TCCTAGAAAG CACGTCTCTA 840
   CTTTCATCAGG TATCTACAGT TATGGAAGTT TTGAAATGCA AGCACCAGG TCTGGAAATG 900
35 GTGACCAGTA CTCTATGGTG CTGATTGAG CCTCATTCTT CAATAGCAAA TATCTTGAAT 960
   TATTTAGAG GCAACCTGCA GCTGTCCATG CTTTGATAGA TGATACTCAA AACTGTGATG1020
   ATATTGCCAT GAATTTATC ATTGCCAAGC ATATTGGCAA GACTTCAGGG ATATTTGTGA1080
   AGCCTGTAAA CATGGCAAT TTGGAAAAAG AAACCAACAG TGGCTATTCT GGAATGTGGC1140
   ATCGAGCTGA GCACGCTCTG CAGAGGTCTT ATTGTATAAA TAAGCTTGTT AATATCTATG1200
40 ATAGCATGCC CTTAAGATAC TCCAACATTA TGATTTCCCA GTTTGGTTTT CCATATGCCA1260
   ACTACAAAAG AAAAATATAA AAGTAAACA AACAAAAACA AACCTGAAAA CTGCTTGGCA1320
   TTTGAGTAGC TTCTCCATGC TATGTATTTT TTTAAGCAAC ATCATGAAT TTATCTACTC1380
   CAGAAGTCTC TACAATAGAA AAAAAAGTGC AGTGCTTCTA GGATATAAAA TTCACATTAC1440
   TTTTGAAAGC CAAGAAGTTG GTCTTATCCA GTTAGGTCTT CTTATGAAGA GTTTTCATCC1500
45 AGGGATATAA CTCCTTGGTC AGTGATTTTA TTGTTTACAT CCTGAGACTG TTCTACAGTT1560
   TCTTTGACTC CTGGCATTG CCTTAAGGAC CTATAGCAAG CTGTTTCTAG GATCAGAAAC1620
   TCAAGAGAGG CATTTCTCTG CTTTTTCACT AAAGGTCAGT TGTTTTAATT TGAAACCTGA1680
   AATGCCTCTT TAGCAAAAGC CTGTGGTATG GGGTAAAGCC ATGTAAGAAG AGAATAGTCT1740
   CAGTCACATA TGAAGAGGAA AATTTGCAGC TGCCAGTGCT TTCCTTGTGG CCCTGCCAAC1800
50 CAGCTCTTCC AGGACGAACT CAGTCCAGCA TGGTTTTGAT GTAACCATCC ATGCTTTTAT1860
   TTTTGTAAAG TCTTTTGTGA CTGGGACAGT TAATTTTAGT AGCTGAAGAA CGTCTAGTTG1920
   TTTGCTTGAT ATTTGTGAAC ATTTACTGCA TGGATCACA AACAATATAC CCTGTATTTT1980
   TTACACGCCA CTTATATGCA GCAAGGAGTA AATGTGTTAC TAGATTCGGG TAGTGCATTT2040
   TGTCACAGAA TCTGACCTG AGAATGTACA TTAATCTTA TATTTTACAT AATGTATGTG2100
55 TTGTTTAAGA AATGTATAAA AAACCTGAAA AAAATGAGTA AGAACTGGCA GAAGTTAAAA2160
   CCCTTTGTAT CAAAAGATCT TTATTGGTAG AGCACTGGTT ATCTTCTGGA TACTAAAAAG2220
   TTGTATTACA AAGCCAAACA CTTGCATTCA CAACTTTAAA AAAAGATCCA AGGAATATT2280
   CATAATGATG AAATCCAAC TACATACAAG GAGGAGAAAA TAAGAACCCA GTCATAACAG2340
   AGGAATTCTA TAGGAGTCTG CATCAATTCA TTCTTAAGGT TGCCTACTCT CTGTTATGTG2400
```

5 AATTAGCGTC TGTGTTTCAC CCATTGTCTG TGTTTAGTCC TTGTTACCA CTAAGGCAAG2460  
GAATTCTTAA CTAGGCCTCT GTTTACCAAC TTCTCTTTCT CCTCCTTTCC CTCTTATTC2520  
TCCTTCTCCT CTTCTTCTT ATATAATGCT AGTATATTCT CAAAATTGCA AAGCTGTGAG2580  
AATATTAAAA TAATCATGGC TAATGTTCCA ATAATGAGGT CTTTGTGCAT TTAGTTCCGC2640  
ATATGATGGT TTTTTTTTTA CATTAAAGAG TATATGTGTC TTAATGCAGT CAGATTGTAA2700  
AAAACAAAAA CAAAGAACT AAGAATCTTA CTAATAATCG ATAATGTCAG TTATCTGTTT2760  
TGTCCAATAT TGGTAGTACT TTTTTCCTC TTATGATTCC TCTAGCAGAT AAATAAAGA2820  
AACTTTTGCC ATCC 2834

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2319 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 545

35 AACGTCATTG GTAACAGCAA GTCCCAGACA CCAGCCCCCA GTTCCGAAGT GGTTTTGGAT 60  
TCAAAGAGAC AAGTTGAGAG AGAGGAAACC AACCATGAGA TCCAGGAGGG GAAAGAAGAG 120  
CCTCAGAGGG ACAGGCTGCC GCAGGAGCCA GGCCGGGAGC AGGTNGTGGA AGACAGACCT 180  
GTAGGTGGAA GAGGCTTCGG GGGAGCCGGA GAACTGGGCC AGACCCACA GGTGCAGGCT 240  
GCCCTGTACG TGAGNCCAGG AAAATCCAGA GATGGAGGGC CCTGAGCGAG ACCAGCTTGT 300  
CATCCCCGAC GGACAGGAGG AGGAGCAGGA AGCTGCCGGG GAAGGGAGAA ACCAGCAGAA 360  
40 ACTGAGAGGA GAAGATGACT ACAACATGGA TGAAAATGAA GCAGAATCTG AGACAGACAA 420  
GCAAGCAGCC CTGGCAGGGA ATGACAGAAA CATAGATGTT TTTAATGTTG AAGATCAGAA 480  
AAGAGACACC ATAAATTTAC TTGATCAGCG TGAAAAGCGG AATCATACAC TCTGAATTGA 540  
ACTGGAATCA CATATTTTAC AACAGGGCCG AAGAGATGAC TATAAAATGT TCATGAGGGA 600  
CTGAATACTG AAAACTGTGA AATGTACTAA ATAAATGTA CATCTGAANG ATGATTATTG 660  
45 TGNAATTTT AGTATGCACT TTGTGTAGGA AAAAATGGNA ATNGGTCTTT TAAACAGCTT 720  
TTGGGGGGNT ACTTTNGGAA GTGTCTNAAT AANGGTGTCA CNAATTTTGT GNTAGTANGG 780  
TATTTTCGTA GNAAGNNTT AACACCAAAA CTNGGAACAT AGTTCTCCTT CAAGTGTTGG 840  
CGACANCGGG NNGCTTCCTG ATTCTGGAAT ATAACCTTGT GTAAATTAAC AGCCACCTAT 900  
AGAAGAGTCC ATCTGCTGTG AAGGAGAGAC AGAGAACTCT GGGTTCCGTC GTCCTGTCCA 960  
50 CGTGCTGTAC CAAGTGCTGG TGCCAGCCTG TTACCTGTTC TCACTGAAAA GTCTGGCTAA1020  
TGCTCTTGTG TAGTCACTTC TGATTCTGAC AATCAATCAA TCAATGGNCC TAGANGCACT1080  
GACTGTTAAC ACAACGTCA CTAGNCAAAG TAGNCAACNA GCTTTAAGTC TAAATACAAA1140  
GCTGTTCTGT GTGAGAATTT TTTAAAAGGC TACTTGTATA ATAACCCTTG TCATTTTTTAA1200  
TGTACAAAAC GCTATTAAGT GGCTTAGAAT TTGAACATTT GTGGNTCTTT ATTTACTTTG1260  
55 CTTNCGTGTG TGGGCAAAGC AACATCTTCC CTAAATATAT ATTACCAAGA AAANGCAAGA1320  
AGCAGATTAG GNTTTTTGAC NNAACANA ACAGGCCNNA AAAGGGGGCN TGNACCTGGA1380  
GCAGAGCATG GTGNAGAGGC AAGGCATGNA GAGGGCAAGT TTGTGTGGA CAGATCTGTG1440  
CCTACTTTAT TACTGGAGTA AAANGAAAC AAAGTTNCAT TGATGTCGNA AGGATATATA1500



CAGTGTNAG AAATTNNAGG NACTNGTTN AGAAAAACAG GAATACNNA TGGNTTGNTT1560  
 TTTATCATAN GTGNTACACA TTTAGCTTGT GGNTAAATNG ACTCACAAAA CTGANTTTTA1620  
~~AAATCAAGTT AATGTGAATT TTGAAAATTA CTACTTAATC CTAATTCACA ATAACAATGG1680~~  
 5 CATTAAGGTT TGAAGTTAGT TGGTCTTAG TATTATTTAT GGTAATAGG CTCTTACCAC1740  
 TTGCNAAATA ACTGGNCCAC ATCATTAAATG ACTGACTTCC CNAGTAANGG CTCTCTAAGG1800  
 GGTAAGTNAG GAGGATCCAC AGGATTTGAG ATGCTAAGGC CCCAGAGATC GTTTGATNCC1860  
 AACCTCTTA TTTTCNAGAG GGGAAAATGG GGCCTNAGNA AGTTACANGA GCATCNTNAG1920  
 CNTGGTGCGC TGGNCACCCC NTGGCCNTCN ACACNAGACT CCCNGAGTAG CTGGGANCTA1980  
 CAGGCACACA GTCAGTGAAG CAGGCCNTG TTTGCAATTC ACGTTGCCNA CCTNCCAAQN2040  
 10 TTAAACATTN CTTCATATGT GATGTCCTTA GTACNTAAG GTTAAANCTT TNCCCACCCA2100  
 GAAAAGGCAA CTTAGATAAA ATCTTAGAGT ACTTTCATAC TCTTCTAANG TCCTCTCCA2160  
 GCCTCACTTT GAGTCCTCCT TNGGGGTTGA TNNNAGGAAT TTTCTCTTGC TTTCTCAATA2220  
 AAGTCTCTAT TCATCTCATG TTTAATTTGT ACGCATAGAA TTGCTGAGAA ATAAATGTT2280  
 CTGTTCAACT TANNNNNAAA AAAAAAANAA AAAAAAAA 2319

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 546:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2456 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 546

TGCAACTGTG CACCCAGCTT GCCAGATTTT TCCCCATTAC ACCCCCAGTG TGGCATATCC 60  
 TTGGTCCCCA GAGGCACACC CCTTGATCTG TGGACCTCCA GGCCTGGACA AGAGGCTGCT 120  
 ACCAGAAACC CCAGGCCCTT GTTACTCAA TTTACAGCCA GTGTGGTTGT GCCTGACTCC 180  
 TCGCCAGCCC CTGGAACCAC ATCCACCTGG GGAGGGGCTT TCTGAATGGA GTTCTGACAC 240  
 CGCAGAGGGC AGGCCATGCC CTTATCCGCA CTGCCAGGTG CTGTCGGCCC AGCCTGGCTC 300  
 45 AGAGGAGGAA CTCGAGGAGC TGTGTGAACA GGCTGTGTGA GATGTTGAGG CCTAGCTCCA 360  
 ACCAAGAGTG TGCTCCAGAT GTGTTGGGGC CCTAACTTGG CACAGAGTCC TGCTCCTGGG 420  
 AAAGGAAAGG ACCACAGCAA ACACCATTCT TTTTGCCGTA CTTCTAGAA GCACTGGAAG 480  
 AGGACTGGTG ATGGTGGGAG GGTGAGAGGG TGCCGTTTTT CTGCTCCAGC TCCAGACCTT 540  
 GTCTGCAGAA AACATCTGCA GTGCAGCAA TCCATGTCCA GCCAGGCAAC CAGCTGCTGC 600  
 50 CTGTGGCGTG TGTGGGCTGG ATCCCTTGAA GGCTGAGTTT TTGAGGGCAG AAAGTAGCT 660  
 ATGGGTAGCC AGGTGTTACA AAGGTGCTGC TCCTTCTCCA ACCCTACTT GGTTCCTCCT 720  
 ACCCAAGCC TCATGTTTCT ACCAGCCAGT GGGTTCAGCA GAACGCATGA CACCTTATCA 780  
 CCTCCCTCCT TGGGTGAGCT CTGAACACCA GCTTTGGCCC CTCCACAGTA AGGCTGCTAC 840  
 ATTCAGGGGC AACCTGGGC TCTATCATTT TCCTTTTTTG CCAAAGGAC CAGTAGCATA 900  
 55 GGTGAGCCCT GAGCACTAAA AGGAGGGGTC CCTGAAGCTT TCCCACTATA GTGTGGAGTT 960  
 CTGTCCCTGA GGTGGGTACA GCAGCCTTGG TTCCTCTGGG GGTGAGAAT AAGAATAGTG1020  
 GGGAGGGAAA AACTCCTCCT TGAAGATTC CTGCTCAGA GTCCCAGAGA GGTAGAAAGG1080  
 AGGAATTTCT GCTGGAATTC ATCTGGGCAG AGGAAGGATG GAATGAAGGT AGAAAAGGCA1140

```

GAATTACAGC TGAGCGGGGA CAACAAAGAG TTCTTCTCTG GGAAAAGTTT TGTCTTAGAG1200
CAAGGATGGA AAATGGGGAC AACAAAGGAA AAGCAAAGTG TGACCCCTGG GTTTGGACAG1260
CCCAGAGGCC CAGCTCCCCA GTATAAGCCA TACAGGCCAG GGACCCACAG GAGAGTGGAT1320
TAGAGCACAA GTCTGGCCTC ACTGAGTGGA CAAGAGCTGA TGGGCCTCAT CAGGGTGACA1380
5   TTCACCCAG GGCAGCCTGA CCACTCTTGG CCCCTCAGGC ATTATCCCAT TTGGAATGTG1440
AATGTGGTGG CAAAGTGGGC AGAGGACCCC ACCTGGGAAC CTTTTCCCT CAGTTAGTGG1500
GGAGACTAGC ACCTAGGTAC CCACATGGGT ATTTATATCT GAACCAGACA GACGCTTGAA1560
TCAGGCACTA TGTTAAGAAA TATATTTATT TGCTAATATA TTTATCCACA AATGTGGTCT1620
GGTCTTGTGG TTTTGTTOFG TCGTGACTGT CACTCAGGGT AACACGTCA TCTCTTTCTA1680
10  CATCAAGAGA AGTAAATTAT TTATGTTATC AGAGGCTAGG CTCCGATTCA TGAAAGGATA1740
GGGTAGAGTA GAGGGCTTGG CAATAAGAAC TGGTTGTAA GCCCCTAAAA GTGTGGCTTA1800
GTGAGATCAG GGAAGGAGAA AGCATGACTG GATTCTTACT GTGCTTCAGT CATTATTATT1860
ATACTGTTCA CTTACACAT TATCATACTT CAGTGACTCA GACCTTGGGC AAATACTCTG1920
TGCCTCGCTT TTTCAGTCCA TAAAATGGGC CTACTTAATA GTTGTTCAG GACTTACATG1980
15  AGATAATAGA GTGTAGAAA TATGTTCCAA AGTGGAAAGT TTTATTCACT GATAGAAAAC2040
ATCCAAACCT GTCACAGAGC CCATCTGAAC ACAGCATGGG ACCGCCAACA AGAAGAAAGC2100
CCGCCCGGAA GCAGCTCAAT CAGGAGGCTG GGCTGGAATG ACAGCGCAGC GGGGCCTGAA2160
ACTATTTATA TCCCAAAGCT CCTCTCAGAT AAACACAAAT GACTGCGTTC TGCCTGCACT2220
CGGGCTATTG CGAGGACAGA GAGCTGGTGC TCCATTGGCG TGAAGTCTCC AGGGCCAGAA2280
20  GGGGCCTTTG TCGCTTCTC ACAAGGCACA AGTTCCCTT CTGCTTCCCC GAGAAAGGTT2340
TGGTAGGGGT GGTGGTTTAG TGCCTATAGA ACAAGGCATT TCGCTTCCCTA GACGGTGAAA2400
TGAAAGGGAA AAAAAGGACA CTAATCTCC TACAAATGGT CTTTAGTAAA GGAACC 2456

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 547:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2218 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 547

```

GAGGAAAAAG AACAAATGAAC AGCAACGATC TTGACTGTGC AACTCAGACA TTCCTGCAGA 60
AAAGACATAT GTTGCTTTAC AAGAAGGCCA AAGAACTATG GGGCCTTCCC AGCATTGAC 120
50  TGTTCAATTG ATAGAATGAA TTAAATATCC AGTTACTTGA ATGGGTATAA CGCATGAATG 180
TGTGATTTTA TTAGGGGCAT CTGCCAATTC TCTCACTGTG GTTCTTCTC TGACTTTGCC 240
TGTTCAATCAT CTAAGGAGGC TAGATCCTTC GCTGACTTCA CCATTCCTCA AACCTGTAAG 300
TTTCTCACTT CTTCCAAATT GGCTTTGGCT CTTTCTTCAA CCTTCCATT CAAGAGCAAT 360
CTTTGCTAAG GAGTAAGTGA ATGTGAAGAG TACCAACTAC AACAAATCTA CAGATAATTA 420
55  GTGGATTGTG TTGTTGTTG AGAGTGAAGG TTTCTTGGCA TCTGGTGCCT GATTAAGGCT 480
TGAGTATTAA GTTCTCAGCA TATCTCTCTA TTGCTTGAC TTGAGTTTGC TGCAATTTCT 540
ATGTGCTGTT CGTGACTTGG AGAACTTAAA GTAATCGAGC TATGCCAACT TGGGGTGGTA 600
ACAGAGTACT TCCCACCACA GTGTTGAAAG GGAGAGCAAA GTCTTATGGA TAAACCCTCC 660

```

TTTCTTTTGG GGACACATGG CTCTCACTTG AGAAGCTCAC CTGTGCTGAA TGTCCACATG 720  
 GTCATAAAC ATGTTATCCT TAAACCCCCC GTATGCCTGA GTTGAAAGGG CTCTCTCTTA 780  
 TTAGGTTTTC ATGGGAACAT GAGGCAGCAA ATCTATTGCT AAGACTTTAC CAGGCTCAAA 840  
 TCATCTGAGG CTGATAGATA TTTGACTTGG TAAGACTTAA GTAAGGCTCT GGCTCCCAGG 900  
 5 GGCATAAGCA ACAGTTTCTT GAATGTGCCA TCTGAGAAGG GAGACCCAGG TTATGAGTTT 960  
 TCCTTTGAAC ACATTGGTCT TTTCTCAAAG TTCCTGCCTT GCTAGACTGT TAGCTCTTTG 1020  
 AGGACAGGGA CTATGTCTTA TCAATCACTA TTATTTTCCT GTTACCTAGC ATGGGACAAG 1080  
 TACACAACAC ATATTTGTGT AGTCTTCTAA AAGACTCCTC TGATTGGGAG ACCATATCTA 1140  
 TAATTGGGAT GTGAATCATT TCTTCAGTGG AATAAGAGCA CAACGGCACA ACCTTCAAGG 1200  
 10 ACATATTATC TACTATGAAC ATTTTACTGT GAGACTCTTT ATTTTGCCTT CTACTTGGCG 1260  
 TGAAATGAAA CCAAACAGG CCGTTGGGTT CCACAAGTCA ATATATGTTG GATGAGGATT 1320  
 CTGTTGCCTT ATTGGGAECT GTGAGACTTA TCTGGTATGA GAAGCCAGTA ATAAACCTTT 1380  
 GACCTGTTTT AACCAATGAA GATTATGAAT ATGTTAATAT GATGTAAATT GCTATTTAAG 1440  
 TGTAAAGCAG TTCTAAGTTT TAGTATTGG GGGATTGGTT TTTATTATTT TTTTCCTTTT 1500  
 15 TGAAAAATAC TGAGGGATCT TTTGATAAAG TTAGTAAATG ATGTTAGATT TTAGTTTTGC 1560  
 AAGCATGTTG TTTTTCATAT ATATCAAGTA TAGAAAAAGG TAAAACAGTT AAGAAGGAAG 1620  
 GCAATTATAT TATTCTCTTG TAGTTAAGCA AACACTTGTT GAGTGCCTGC TATGTGCACG 1680  
 GCATGGGCCC ATATGTGTGA GGAGCTTGTC TAATTATGTA GGAAGCAATA GATCTCGGTA 1740  
 GTTACGTATT GGGCAGATAC TTACTGTATG AATGAAAGAA CATCACAGTA ATCACATAT 1800  
 20 CAGAGCTGAG TTATCCCAG TGTAGCTTCG TTGGGGATTC CAGTTTCTGG GAACGAGAGT 1860  
 TAGGGCCATT TTATTTAAAA GAAACTCCCG GTTGAGACCG GTTCTTATGA ACCTCTGAAA 1920  
 CGTACAAGCC TTCACAAGTT TAACTAAATT GGGATTAAATC TTTCTGTAGT TATCTGCATA 1980  
 ATTCTTGTTT TTCTTTCCAT CTGGCTCCTG GGTGACAAT TTGTGGAAAC AACTCTATTG 2040  
 CTACTATTTA AAAAAATCA GAAATCTTC CCTTTAAGCT ATGTTAAATT CAACTATTC 2100  
 25 CTGCTATTCC TGTTTGTCA AAGAATTATA TTTTCAAAA TATGTTTATT TGTTTGATGG 2160  
 GTCCAGGAA AACTAATAA AAACCACAGA GACCAGCCCC AAAAAAAAAA AAGTTTTG 2218

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 548:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2196 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 548

CGGCGCGATG CGCGGAGACC CCCGCGGGGG CGGCGGCGGC CGTGAGCCCC GATGAGGCCC 60  
 GAGCGTCCCC GGCCGCGCGG CAGCGCCCCC GGCCCGATGG AGACCCCGCC GTGGGACCCA 120  
 GCCCGCAACG ACTCGCTGCC GCCCAGCTG ACCCCGCGCC TGCCCCCTA CTGAAGCTT 180  
 55 GGCCCTACCG TCGTCTACAC CGTGTCTAC GCGCTGCTCT TCGTGTTTAT CTACGTGCAG 240  
 CTCTGGCTGG TGCTGCGTTA CCGCCACAAG CGGCTCAGCT ACCAGAGCGT CTTCTCTTT 300  
 CTCTGCCTCT TCTGGGCCTC CCTGCGGACC GTCCTCTTCT CCTTCTACTT CAAAGACTTC 360  
 GTGGCGGCCA ATTCGCTCAG CCCCTTCGTC TTCTGGCTGC TCTACTGCTT CCCTGTGTGC 420

```

CTGCAGTTTT TCACCCTCAC GCTGATGAAC TTGTA CTCTCA CGCAGGTGAT TTTCAAAGCC 480
AAGTCAAAAT ATTCTCCAGA ATTACTCAAA TACCGGTTGC CCCTCTACCT GGCCCTCCCTC 540
TTCATCAGCC TTGTTTTCTT GTTGGTGAAT TTAACCTGTG CTGTGCTGGT AAAGACGGGA 600
AATTGGGAGA GGAAGGTTAT CGTCTCTGTG CGAGTGGCCA TTAATGACAC GCTCTTCGTG 660
5 CTGTGTGCCG TCTCTCTCTC CATCTGTCTC TACAAAATCT CTAAGATGTC CTTAGCCAAC 720
ATTTACTTGG AGTCCAAGGG CTCCTCCGTG TGTCAGTGA CTGCCATCGG TGTCACCGTG 780
ATACTGCTTT ACACCTCTCG GGCCTGCTAC AACCTGTTCA TCCTGTCTATT TTCTCAGAAC 840
AAGAGCGTCC ATTCCTTTGA TTATGACTGG TACAATGTAT CAGACCAGGC AGATTTGAAG 900
AATCAGCTGG GAGATGCTGG ATACGTATTA TTTGGAGTGG TGTTATTGTG TTGGGAACCT 960
10 TTACCTACCA CCTTAGTCGT TTATTTCTTC CGAGTTAGAA ATCCTACAAA GGACCTTACC1020
AACCTGGGAA TGGTCCCCAG CCATGGATTG AGTCCCAGAT CTTATTTCTT TGACAACCCT1080
CGAAGATATG ACAGTGATGA TGACCTTGCC TGGAACATTG CCCCTCAGGG ACTTCAGGGA1140
GGTTTTGCTC CAGATTACTA TGATTGGGGA CAACAACTA ACAGCTTCCT GGCACAAGCA1200
GGAACTTTGC AAAGACTCAA CTTTGGATCC TGACAAACCA AGCCTTGGGT AGCATCAGTT1260
15 AACAGTTTTA TGGACGATTC CTCAGATGAA AAGCTTCAGA AAAGCATAGT GACAGCTGAA1320
TTTTTAGGGC ACTTTTCCTT AAGAAATAGA ACTTGATTTT TATTTGTTAC AGGTTTCCAA1380
TGGCCCCATA GGAATAAGCA ATAATGTAGA CTGATAAACC CTTATTTTAG TACTAAAGAG1440
GGAGCCTTGC TATTTTCAGT GGTATAATTT AAACTTTTTA AAGAAAATCT GTACTTTTAT1500
AAAGATGTAT TTTGTATAAC TTAAATAATA ATGCTAAAGT ATACTAGGGT TTTTTTTTCT1560
20 TGAGAATGTT ACTGCAATCA TGTTGTAGTT TGCACAGACT TTTATGCATA ATTCACTTTA1620
AAAATATAGA ATATATGGTC TAATAGTTTT TTAAAGCTTT TGGACTAAAG TATTCCACAA1680
ATCTTACCTC TTTAGGTCAC TGATGGTCAC TCCGATTCTG AGTGCCACAT TGGTAGACTC1740
CTAAAATACA GTTGACAACT TAGCCAATTG CAACTCCAGT GTTGATAATT AAAATGAAAT1800
GGTAAAGCAG CAGACTGTAA GGTCTTTTGA GATTTTTTTT TTAAGGTTCA GGCCGTAGGT1860
25 TCCTCAAGGA ATCTCTTAAG TTTTGCCCAA AGACTGGTAC TTCCTTTCAG TAGGGCGCTA1920
ATGTATACAC ATTAATGATA AGTTGATAAC ATTAATAATG TAGCTGACTT ATCCTATTAA1980
ACCTCCTCTG CTATGTTTAC AGAACCCCA TAACTTTTTT TCAGCCTAAT GAAATCTAAT2040
ATGCATTACC TCAGGGCCAC ATCAAGAATA CACCCCTTTC CGAACTCACT GAATGTTTAT2100
TACATTCAAG GAGAAAATAA GAGGGTCCAT AAAGGTCATT AATAACAAAT ACCCCAAGCC2160
30 GTTGAGCTAA GACTATGTGG AATCCTAATA GTTTTTT 2196

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 549:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 701 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 549

```

55 AATTAAATA AATAGAAACA TACGGAGATT CTTTTATGTT GGATTTATTA TACCCTCCAC 60
CATTTTGGTC CCTGAAAAGG GAAAAGATAC ACGGTCGAGT AGTACAGGTA TGTGTTTCCC120
ACTACACATT ATGGCTATAA TGGAGTTGAA TTGCAAACAG TAAAATTTTG TTTTGGATTG180

```

GTTTCCTG ATCCCCCAG ACAGGAGCTT CCTCTCCAC CCTACCTGCC TGCCCTTAAG240  
 TTGTGCTTA TTAACCTGGA CACAAATCTC ACCGGCTTTT AGTCTAATAA TTGAATCATA300  
 GCTACACACA GTGAGACCAG AATAGCTACT TGTPTTTTTA TGTACCAGT GAGTAACTTG360  
 TTTATCCTTG TATGTAGAAA CTAATTTTAC CATGATCACA GATCTGTGTA ACATCTCTAG420  
 5 TTTGAATTTT CACACAATTT TAAAATGTCT ACTAGAAAAC TTACACCTTT TTGTTCCAAG480  
 GTGCTCTTCA TCTATAAAAC CGTGGGCATA CTTCAGTGTT CTTCTGAGGC CAAATTTTGT540  
 GGGTCGTGGG GGACAATTTT GTATTAACAT ACGTTATTTT GTAATTCATT CTCCAAATTT600  
 GAAGCTTTAT TAAAGGTATT CTATTTCCAC TGGCTTCCCT TAACTTGAAT AAAATTTACT660  
 CCCAGTGCCG TGGCTCATGC CTGCTGCAAT CCCAGCCCTT T 701  
 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2214 Basenpaare  
 15 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 20 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 550

35 GCTAAAGAGG AGGATGCTAT ACTTTTCTAA ATGGCAAGAG ATGGGGAGAG AAGGGGATTA 60  
 AGAGTTGACC CGCAACCTCC CGGTGGATTCT TTTGTTCTTA CCAGATCTCT TGGCCACTCC 120  
 CCTATTCTGA AGTCGTCTTG GCTCTCTTGA CTGCTCCCTT ATTCTGAAGT CGTCTTGGCT 180  
 CTCTTGACTA CTCCCCTATT CTGAAGTCGT CTTGGCTCTC CTGACTACAC TATTTCGAAG 240  
 AATGATCACC AAGACACACA AAGTAGACCT TGGGCTCCCA GAGAAGAAAA AGAAGAAGAA 300  
 40 AGTGGTCAAA GAACCAGAGA CTCGATACTC AGTTTTAAAC AATGATGATT ACTTTGCTGA 360  
 TGTTTCTCCT TTAAGAGCTA CATCCCCCTC NTAAGAGTGT GGCCCATGGG CAGGCACCTG 420  
 AGATGCCTCT AGTGAAGAAA AAGAAGAAGA AAAAGAAGGG TGTCAGCACC CTTTGCGAGG 480  
 AGCATGTAGA ACCTGAGACC ACGCTGCCTG CTAGACGGAC AGAGAAGTCA CCCAGCCTCA 540  
 GGAAGCAGGT GTTTGGCCAC TTGGAGTTCC TCAGTGGGGT AAAGAAAAAN TAAGAAGTCA 600  
 45 CCTCTAGCCA TGTCCCATGC CTCTGGGGTG AAAACCTCCC CAGNACCCNT AGACAGGGTG 660  
 AGGAGGAAAC CAGAGTTGGC AAGAAGCTCA AAAAANCACA AGAAGGAAAA AAAGGGGGNC 720  
 CCAGGACCCC ACNAGCCTTC TCGGTCCAGG ACCCTTGGTT CTGTGAGGCC AGGGAGGCCA 780  
 GGGATGTTGG GGACACTTGC TNCAGTGGGG AAGAAGGATG AGGAACAGGC AGCCTTGGGG 840  
 NCAGAAACGG AAGNCGGAAG AGCCCCAGAG AACACAATGG GAAGGTGAAG AAGAAAAAAA 900  
 50 AAATCCACCA GGAGGGAGAT GCCCTCCCAG GCCACTCCAA GCCCTCCAGG TCCATGGAGA 960  
 GCAGCCCTAG GAAAGGAAGT AAAAAGAAGC CAGTCAAAGT TGAGGCTCCG GAATACATCC1020  
 CCATAAGTGA TGACCCTAAG TCCTCCGCAA AGAAAAAGAT GAAGTCCAAA AAGAAGGTAG1080  
 AGCAGCCAGT CATCGAGGAG CCAGCTCTGA AAAGGAAGAC GAGGAAGAAG AGGAAAGAGA1140  
 GTGGGGTAGC AGGAGACCCT TGGAGGGAGG AAACAGACAC GGAAGTAGAG GTGGTGTGG1200  
 55 AAAAAAAGG CAACATGGAT GAGGCGCACA TAGACCAGGT GAGGCGAAAG GCCTTGCAAG1260  
 AAGAGATCGA TCGCGAGTCA GGCAAAACGG AAGCTTCTGA AACCAGGAAG TGGACGGGAA1320  
 CCCAGTTTGG CCAGTGGGAT ACTGCTGGTT TTGAGAACGA GGACCAAAAA CTGAAATTT1380  
 TCAGACTTAT GGGTGGCTTC AAAAACCTGT CCCCTTCGTT CAGCCGCCCC GCCAGCACGA1440

TTGCAAGGCC CAACATGGCC CTCGGCAAGA AGGCGGCTGA CAGCCTGCAG CAGAATCTGC1500  
AGCGGGACTA CGACCGGGCC ATGAGCTTGG AAGTACAGCC GGGGAGCCGG CTTGCGGTGT1560  
TCTCCACCGC CCCCACAAG ATCTTTTACA TTGACAGGAA CGCTTCCAAG TCAGTCAAGC1620  
TGGAAAGATTA AACTCTAGAG TTTTGTCCCC CCAAACTGC CACAATTGCT TTAGATTATTC1680  
5 CATTATATGCT GGAGATTACA AATTTTTTTT GGTGAACAAA TCAGATCTTG GTGAGGACCT1740  
CGAGCAGTAA GATATAAATA ACTCCCNATA AGCTTAGMCG TTCCCAGTAA TGGAACTA1800  
GGCATAAANT GGTATTATTNC AGTTGTGCAA ATGAAAGCCA TCTGACAGTT GGCTNCACAT1860  
TGAACACCTG TGGAGATTAA GGACGAGGAC AACTATATTG ATGGGCTTGG ATGAACTGGG1920  
GCAGGGCAGC TCATATTTTCG GGAGCCAGGA GAACGAGTGA GTGCTAAAAC CTCCTGTTTT1980  
10 CTGTGTTAAA CATTCCGTCC CTGTTTGAGA CATCAGTATG TACAGTTAAC TTTTGTGAG2040  
TGTTTAGCAG GTACTAGGGA CATACTAGTG TTTTCCTTAA TGTATTAAAT CTTCATAATT2100  
ATGAAATGGG TGCTATTATT AGCCCCATCT TATAGATGAG GCAACTGAGG TTCAGGGATA2160  
AAGTAATAAA ATTGCCTGGG GTCACCCAGC CACTAAAAAA AAAAAAAAAA AAAA 2214

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 551

40 GCGCGGCCGG CGCCTGCGGG GCGAGAGGGT CGGGGCGAAG GGAAGCTAC GTCCCGGAGG 60  
TGCGGTGTGG GGCACCGGGC GGGGCCGCGG GAACCGGCGC CCCACGGAGC TGCTGCTGTC 120  
AGACCAACCC CGGGCCCCCA TCATCACTGC GCCGCGCTTT CAGGCGCCGA GAACTACCGT 180  
TCCCGGCATG CCATGAAATT GGCTCGGCG CTGAGGCGGG GTCCGGCCCT CCACCCGCTC 240  
CCGCCGCGCG CGAATCGCGG TCGCGAGCCA TGGAGGAGGA GGCATCGTCC CCGGGGCTGG 300  
GCTGCAGCAA GCCGCACCTG GAGAAGCTGA CCCTGGGCAT CACGCGCATC CTAGAATCTT 360  
45 CCCAGGTGT GACTGAGGTG ACCATCATAG AAAAGCCTCC TGCTGAACGT CATATGATTT 420  
CTTCCTGGGA ACAAAGAAT AACTGTGTGA TGCTGAAGA TGTGAAGAAC TTTTACCTGA 480  
TGACCAATGG CTTCACATG ACATGGAGTG TGAAGCTGGA TGAGCACATC ATTCCACTGG 540  
GAAGCATGGC AATTAACAGC ATCTCAAAC TGACTCAGCT CACCCAGTCT TCCATGTATT 600  
CACTTCCTAA TGCACCCACT CTGGCAGACC TGGAGGACGA TACACATGAA GCCAGTGATG 660  
50 ATCAGCCAGA GAAGCTCAC TTTGACTCTC GCAGTGTGAT ATTTGAGCTG GATTATGCA 720  
ATGGCAGTGG GAAAGTTTGC CTTGTCTACA AAAGTGGGAA ACCAGCATTA GCAGAAGACA 780  
CTGAGATCTG GTTCCTGGAC AGAGCGTTAT ACTGGCATT TCTCACAGAC ACCTTTACTG 840  
CCTATTACCG CCTGCTCATC ACCCACCTGG GCCTGCCCCA GTGGCAATAT GCCTTCACCA 900  
GCTATGGCAT TAGCCACAG GCCAAGCAAT GGTTGAGCAT GTATAAACCT ATCACCTACA 960  
55 ACACAAACCT GTCACAGAA GAGACCGACT CTTTGTGAA TAAGCTAGAT CCCAGCAAAG1020  
TGTTTAAGAG CAAGAACAAG ATCGTAATCC CAAAAAGAA AGGGCCTGTG CAGCCTGCAG1080  
GTGGCCAGAA AGGGCCCTCA GGACCTCCG GTCCCTCCAC TTCCTCCACT TCTAAATCCT1140  
CCTCTGGCTC TGGAAACCCC ACCCGGAAGT GAGCACCCCT CCCTCCAACCT CCCTACAGC1200

TCCAGAGTGG TGGTTTCCAT GCACAGATGG CCCTAGGGGT GACCTCCAGT TTTGCGTGTG1260  
GACCGTAGGC CTCTTTCTAG TTGAATGACC AAAATTGTAA GGCTTTTAGT CCCACCGACA1320  
~~TTAGCCAGGC TCGTAGTGAG CCCTCCAGAG CAGGTTGTGC TGTCCCGTGC CTCTGGAAGG1380~~  
AATGGGGAAT GTGGAATCAA GACAATGCCC AAAAAATTTT TAATGCAGCT GGTC 1434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 552:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 552

30 CCCGAGAAG GTGGAGGGAG ACGAGAAGCC GCCGAGAGCC GACTACCCTC CGGGCCCAGT 60  
CTGTCTGTCC GTGGTGGATC TAAGCCTCAT CTGTATCCTC TTGTGATGGC GTGAAGGAAA 120  
GCCATGGCAG ATTTCCAGCC TGGTGATGCT GTACAGAACA CAGGTGGCCT GCTTCCATGC 180  
CTCCTCAGCT TCAAGAACT AGAATGAACC GAAGCATTCC TGTGGAGGTT GATGAATCAG 240  
AACCATACCC AAGTCAGTTG CTGAAACCAA TCCAGAAATA TTCCCCGAA GAGGAATCAG 300  
35 AACCACCTGC TCCAAATATA AGGAACATGG CACCCAACAG CTTGTCTGCA CCCACAATGC 360  
TTCACAATTC CTCGGGAGAC TTTTCTCAAG CTCACTCAAC CCTGAAACTT GCAAATCACC 420  
AGCGGCCTGT ATCCCGGCAG GTCACCTGCC TGCGCACTCA AGTTCTGGAG GACAGTGAAG 480  
ACAGTTTCTG CAGGAGACAC CCAGGCCTGG GCAAAGCTTT CCTTCTGGG TGCTCTGCAG 540  
TCAGCGAGCC TCGCTCTGAG TCTGTGGTTG GAGCCCTCCC TGCAGAGCAT CAGTTTTCAT 600  
40 TTATGGAAAA ACGTAATCAA TGGCTGGTAT CTCAGCTTTC AGCGGCTTCT CCTGACACTG 660  
GCCATGACTC AGACAAATCA GACCAAAGTT TACCTAATGC CTCAGCAGAC TCCTTGGGCG 720  
GTAGCCAGGA GATGGTGCAA CGGCCCCAGC CTNACAGGA ACCGAGCAGG CCTGGATCTG 780  
CCAACCATAG ACACGGGATA TGATTCCCAG CCCCAGGATG TCCTGGGCAT CAGGCAGCTG 840  
GAAAGGCCCC TGNCCCTCAC CTCCTGTGTG TACCCCCAGG ACCTCCCCAG ACCTCTCAGG 900  
45 TCCAGGGAGT TCCCTCAGTT TGAACCTCAG AGGTATCCAG CATGTGCACA GATGCTGCCT 960  
CCCAATCTTT CCCACATGC TCCATGGAAC TATCATTACC ATTGTCCTGG AAGTCCCAGT1020  
CACCAGGTGC NCATATGGCC ATGACTACCC TCGAGCAGCC TACCAGCAAG TGATCCAGCC1080  
GGCTCTGCCT GGGNCAGCCC CTNNGCCTGG AGCCAGTGTG AGAGGCCTGC ACCCTGTGCA1140  
GAANNGGTTA TCCTGAATTA TCCCAGCCCC TGGGACCAAG AAGAGAGGCC CGCACAGAGA1200  
50 GACTGCTCCT TTCCGGGGCT TCCAAGGCAC CAGGACCAGC CACATCACC A GCCACCTAAT1260  
AGAGCTGGTG TCCTGGGGA GTCCTTGGAG TGCCCTGCAG AGCTGAGACC ACAGGTTCCC1320  
CAGCCTCCGT CCCAGCTGC TGTGCCTAGA CCCCCTAGCA ACCCTCCAGC CAGAGGAAC1380  
CTAAAAACAA GCAATTTGCC AGAAGAATTG CGGAAAGTCT TTATCACTTA TTGATGGAC1440  
ACAGCTATGG AGGTGGTGAA ATTCGTGAAC TTTTGTGG TAAATGGCTT CCAAAGTGA1500  
55 ATTGANCANT ATTTGAGGAT AGAATCCGAG GCATTGATAT CATTNAAATG GATGGAGCGC1560  
TACCTTANGG GATAAGACCG TGATGATAAT CGTAGCAATC AGCCCCNAAA NTACAAANN1620  
AGGACGTNGG NAAGGNCGCT GANGTCNGCA GCTGGACGAG GATGAGCATG GCTTACATAC1680  
TAAGTACATT CATCGAATGA TGCAGATTGA GTTCATAAAA CAAGGAAGCA TGAATTCAG1740

ATTCATCCCT GTGCTCTTCC CAAATGCTAA GAAGGAGCAT GTGCCACCT GGCTTCAGAA1800  
 CACNTCATGT CTACAGCTGG CCCAAGAATN AAAAAAACA TCCTGCTGCG GCTGCTNGAG1860  
 AGAGGAAGAG TATGTGGCTC CTCCACGGGG GCCTCTGCCC ACCNCTTCAG GTGGTTCCCT1920  
 TGTGANACACC GTTCATCCCC AGATCACTGA GGCCNAGGCC ATGTTTGGGN GCCTTGTCT1980  
 5 GNACAGCATT CTGGCTGAGG CTNGGTCGGT AGCANNCTCC TGGCTGGTTT TTNTTCTGTT2040  
 CCNTCCCCGA NGAAGCCCTC TGGNNCCCCC ANGGAAACCT GTTGTGCAGA GCTCTTCCCC2100  
 GGAGACCTCC NACACANCCC TGGNCTTTGA AGTGGAGTCT GTGNACTGNC TCTGCATTNC2160  
 TCTGCTTTTN AAAAAAACA TTGCAGGTGN CCAGTGTCCC ATATGTTNCC TCCTNGACAG2220  
 NTTTGTATGTN GTNCCATTCT NGGGCCTCTC AGTGCTTAGC AAGTAGATAA TGTAAGGGAT2280  
 10 GTNNGCAGCA AATGGAAATG ACTACAAACA CTCTCCTATC AATCACTTCA GGCTACTTTT2340  
 ATGAGTTAGC CAGATGCTTG TGTATCCTCA NGACCAAACCT GATTCATGTA CAAATAATAA2400  
 AATGTTTACT CTTTTGTAAA AAAAAAAAAA AAAA 2434

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 554:

15

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1457 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 554

ACTAACCAG AGTTGTGGCA TTATTAATTA TCACTGGTCT TCTTAATCGT AAAACGGGGG 60  
 ACCCCAGAGG CAAGGAAATT TCCATTACCC TATATTGGGC TTAAACTTAA AGGAGTATAT 120  
 40 CCACTATCAA GAGCTTAGTA CAAAGGCTGG GGTGAAGTTA CATTATACCT GGGCGTTTAA 180  
 CCATACCAGG GACCCACCT CAACAATGAC TGTGGAAGAC CAAAGGAGAT ACCTAGGTTC 240  
 AGATTATAAT AAATCACCCA GCACCACCTG AATGTATTAT CCACAAAGAT ATAGCAATAA 300  
 TAAAGGTTAT ATATACATAT ATTTATCTTG GTAACCTGAG GGCTAAAAAC GTGGAATACG 360  
 ATAATCTTTC TCAAGAGGTC CATCTGTAAG AAAGGGACCC AAAAGGACAG TGTTTGTGTT 420  
 45 GCATAAAATA TGGGTAAAGT GGAGTTGGGA ACAAGGGGTG GTTCTTTTAG CTCTTTCCAC 480  
 ATCTCTCTTT GATAAGGACT GAAACCTGT TGATTCATGA TAAACGTTTC CTTTTTTTTT 540  
 TTTTTTGCA GCGGGGAGAG GGAAAGAGGA GGAAATGGGG TTTGAGGACC ATGGCTTACC 600  
 TTTCTGCTT TTAGCCCATC ACACCCCAT TCCCTCTCTT TCCCTCTCCC CGCTGCCAAA 660  
 AAAAAAAAAA AGGAAACGTT TATCATGAAT CAACAGGGTT TCAGTCCTTA TCAAAGAGAG 720  
 50 ATGTGGAAG AGCTAAAGAA ACCACCTTT GTTCCCACT CCACTTACC CATATTTTAT 780  
 GCAACACAAA CACTGTCCTT TTGGGTCCCT TTCTTACAGA TGGACCTCTT GAGAAGAATT 840  
 ATCGTATTCC ACGTTTTTAG CCCTCAGGTT ACCAAGATAA ATATATGTAT ATATAACCTT 900  
 TATTATTGCT ATATCTTTGT GGATAATACA TTCAGGTGGT GCTGGGTGAT TTATTATAAT 960  
 CTGAACCTAG GTATATCCTT TGGTCTTCCA CAGTCATGTT GAGGTGGGCT CCCTGGTATG1020  
 55 GTAAAAAGCC AGGTATAATG TAACTTCACC CCAGCCTTTG TACTAAGCTC TTGATAGTGG1080  
 ATATACTCTT TTAAGTTTAG CCCCAATATA GGGTAATGGA AATTCCTGC CCTCTGGGTT1140  
 CCCCATTTTT ACTATTAAGA AGACCAGTGA TAATTTAATA ATGCCACCAA CTCTGGCTTA1200  
 GTTAAGTGAG AGTGTGAAC GTGTGGCAAG AGAGCCTCAC ACCTCACTAG GTGCAGAGAG1260



CCCAGGCCTT ATGTTAAAAT CATGCACTTG AAAAGCAAAC CTTAATCTGC AAAGACAGCA1320  
GCAAGCATT TACGGTCATC TTGAATGATC CCTTTGAAAG TTTTTTTTGT GTTGGTTTGG1380  
TTTAAAATCA AGCCTGAGGC TGGGTGGAAA CAGGTAGCCT ACACACCCCA AATTGGGGGT1440  
GGTCCCGGGG GAATGTT 1457

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 555:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 741 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 555

30 CCTCCTAAAA GACTGGGAAA GCAGCTTTGG GCTTTGGGTC CTCCTAAAAA AACCAAGGCG 60  
GATGACTTGG GGTTTGGATC CCCTTCGGAT GTCACCTGAA AAAGCCTTAG CAGACCTGAT120  
TGAGAAGGAA CTGTCCCGTT CAAAGACCAA CCTTCCCTTT CGCCCCACAT CTCCTCAGAA180  
CTCCTCTTCA CACACTACAA CCGCCAAAGG TCCCAGGCTC TGGATTCTTG CATCTGCTG240  
CAGCTACAAA TGCCAATTCT CTAAATAGTA CCTTTTCAGT CTTGCCCCAG AGGTTCCCTC300  
35 AATTTACGCA GCACCGAGCG GTTTATAATT CATTCAGTTT TCCAGGCCAG GCAGCCCGCT360  
ATCCTTGGAT GGCCTTTCCA NCGCAATAGC ATCATGCNAC TTGAACCACA CAGCAAACCC420  
CACCTCAAAT AGTAATTCT TGGACTTGAA TCTCCCGCCA CAGCACAACA CAGGTCTGGG480  
AGGGATCCCT GTAGCAGGGG AAGAAGAGGT GAAGGTTTCG ACCATGCCAC TGTCACCTC540  
TTCCCATTC A TTACAACAAG GACAGCAGCC TACAAGTCTC CACACTACTG TGGCCTGACA600  
40 ACAGAACTGA GAGGAGAGGA TTAGACTCTG GGGTGCTTGC ATGGGCAACT GGATTTTTC660  
ATGATTCTT TATGATTTG CTTTAAATGT ATACACCCAG AAGAGCCAAT ATAAACGTT720  
CTCATGCCTA AAAAAAAAAA A 741

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 561:

(A) LÄNGE: 470 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

TDQPNIQSVK IHSPLRNPN KGCECPPRRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60  
DEVEFTVVPD MLSAQRNHAI RIKKLPKGTV SFHSHSDHRF LGTVEKEATF SNPKTTSPNK120  
10. GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFAQDVE GSTSPQIGDK VEFISIDKQR PGQQVATCVR180  
LLGRNSNSKR LLGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVSLEL GDMVEYSLSK240  
GKGKNSAEK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVIRPLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300  
GEVYPPGIVG MANKGDCLOK GESVKFQLCV LGQNAQT MAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360  
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVILNQRTG KCSACNVWRV CEGPKAVAAP420  
15 RPDRLVNRLK NITLDDASAP RLMVLRQPRG PDNSMGFGAE RKIRQAGVID 470

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 562:

20 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

35 LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60  
LPFLQAIPFV GHPNDKAWID LTFHIALH LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120  
LSNAIH 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 563:

40 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

~~KSHTSCNLLS RPLFVTNTKE NLISYLRSSR SFHILGLKSN SQFHPTVTIS NNAILSLLEF60~~  
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 564:

(A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDDQN LLDANVNLM 60  
ELLVQKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLQI QKELSVLEED IKRVEEMSG 120  
YSPVSEDSTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA 180  
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS 240  
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KKIKEYEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH 300  
KNLLASSDYE GTVILWDGFT QORSKVYQEH EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS 360  
TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCADHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV 420  
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN 480  
SLYLYYKGLS KTLTTFKFDI VKSVLDKDRK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ 540  
GTIKVLELV 549

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 565:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

TLFYVYIDMC NSQRGWEIRT LQIIHCYIIV HICYFVTFVF SFVFFFFFFF FFCGSINFYC 60  
FVIYFYSKEF VSLSQKLDNT TKSSNVHGVV LMVESWLGIP NVPKVKEGK EKKKKIFKTN 120  
PKPMTLGRD IT 132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 566:

5 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

20 GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60  
SSCFFFTSN SNIRLTAKS RLSWSVPNQS 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 567:

25 (A) LÄNGE: 331 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

40 SANHKEVNG TDGLAPVEVE ELLRQASERN SKSPTEYHEP VYANPFYRPT TPQRETVTPG 60  
PNFQERIKIK TNGLGIGVNE SIHNMGNLS EERGNNFNHI SPIPPVPHPR SVIQQAEK120  
ATPQKRLMTP WEESNMQDK DAPSPKRLS PRETIFGKSE HQNSSPTCQE DEEDVRYNIV180  
HSLPPDINDT EPVTMIFMGY QQAEDSEEDK KFLTGYDGII HAELVVIDDE EEEDEGEAEK240  
45 PSYHPIAPHS QVYQPAKPTP LPRKRSEASP HENTNHKSPH KNSISLKEQE ESLGSPVHHS300  
PFDAQTTGDG TEDPSLTALR MRMAKLGKKV I 331

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 568:

50 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

15

LSLTSRMEEA ELVKGRQLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60  
ISSGKEQEEM KKQNOQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQDLK AELQISTKEE AILKKLKSIE120  
RTTEDIIRSV KVEREERAE SIEDIYANIP DLPKSYIPSR LRKEINEEKE DDEQNRKALY180  
AMEIKVEKDL KTGESTVLSS NTSGHQMTLK GTGVKV 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 569:

20

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

35

LEKLHICFPQ LFGNFSQIMT TTYSHGLIWY TVMIIFWTSE KINKISRREI CKCFLVSSSK 60  
DVYIGGTTLR SPFFPALPFS SLKLLRMDPQ SHLQLSEHQM GNGGQCLSF LLALSEIWNF120  
CGGIYDLCFH ED 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 570:

40

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

5 NFVTPWSFWW WTKLTFFFPL ALKKSSRVSS SHLPRIYQAF LMSATFNEDV QALKELILHN 60  
PVTCLKQESQ LPGPDQLQF QVVCETEEDK FLLLYALLKL SLIRGKSLF VNTLERSYRL120  
RLFLEQFSIP TCVLNGELPL RSRCHIIISQF NQGFYDCVIA TDAEVLGAPR QRAMRPRRA180  
KTGTMASRFL ERTVVALGH 199

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 571:

10

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60  
RARTSGSKTA AYAIPLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKELARQAQ SMIQQLATYC120  
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLKRD LELLVVDEAD180  
30 LLFSFGFEEE LKSL 195

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 572:

35

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

50 DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLRN KNKASHCLFY HRTCRLPMEQ QLQHRNSISG60  
RLPGARAGPS QEVLPF 76

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 573:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

DSQVGRGPQR NSSLHTGRSV HWGEATGSLR HLQWGRAQPL LFLGGKLRFK LPGGKSMGRK60  
QALXLLRVSV SPFFPLCLIN KFHFSHPNS L 91

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 574:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

EKWNLLIRHK GKKGETETLS KXRACFLPMD FPPGSLNRSF PPRKRRGWAL PHWRWRKLPV60  
ASPQCTLLPV CRLEFLWGPL PTWLSHCPL 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 575:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

5 LIRCLRLFSH HVMERKLSTS FLRLPATQLL IHIWSEPWYP STIHARKLDV YSLPFFPLFG60  
DFLLSSAEDG VLVCPMATKI 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 577:

- 10 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

25 LLPLLLLLLIH GDTPXGPGPX XQEAPNHRH GLEEXRISXK SCMGXVDWNG PEGVEIYVDG 60  
KEPHNKSQSS QLGFKTNGHX KSSEXVXHDV LDNRKEAGVK VKEGHEHQNQ QDPASELHVL120  
30 FGGALTHGGD ARKHALPFRT GFSRSTQQPP PRARFLPLCR T 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 578:

- 35 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

45 QTDNLSEKQP XGKXVCRGCP QGECSWERAV LLXPGRPALS XTLLXKXAPC EVNWXVVRGS 60  
50 XXCXGAPAXT PXPXQXAAAS AXAGLEXSXA XAGXAGCCX GLPXVWSXLA LPTASLEASX120  
XRPAAASPT SCPSTLPQAT KTPRVLPNKX XLGTXSCLIF 160

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 579:



(A) LÄNGE: 437 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

SQGVLSDDGV WRVKSIPNGK GSSPIPTATT PKPLIPTAS IRVWGTSGTS HLHPRSICMI 60  
QKYNHDGEAG RLEAFSQGES VLKEPKYQEE LEDRLHFYVE ECDYLQGFQI LCDLHDGFSG120  
VGAKAAELLQ DEYSGRGIIT WGLLPGPYHR GEAQRNIYRL LNTAFGLVHL TAHSSLVCPL180  
20 SLGGSGLLRP EPPVSFPYLH YDALTFFHCS AILATALDTV TVPYRLCSSP VSMVHLADML240  
SFCGKKVVTG GAIIPFPLAP GQSLPDSLMQ FGGATPWTPS SACGEPGTR CFAQSVVLRG300  
YRQSMPHKPQ NQRDTSTLCP SCMYHWGRNL GSVFTTAAAW SHEFFPSAAD SLQGGSSLP360  
PLLKLQSTGY GSGWFPQGRS SSVLSLSPQQ WRASQCLGHC VPLRPCTRPW KPWPETSPNS420  
25 TCGAGPASWM LEWSTMT 437

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 580:

(A) LÄNGE: 277 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

TERLLLDGPP PHSPETPQFP PTTGAVLYTV KRNQVGPEVR SCPKASPRLQ KEREQKAVS 60  
45 ESEALMLVWD ASETKLPQT VEPPASFLSP VSSKTRDAGR RHVSGKPDQ ERWLPSSRAR120  
VKTRDRTCPV HESPSGIDTS ETSPKAPRG LAKDSGTQAK GPEGEQPKA AEATVCANNS180  
KVSSTGEKV LWTREADRVI LTMCQEQQAQ PQTFNIISQQ LGNKTPAEVS HRFRELMQLF240  
HTACEASSED EDDATSTNA DQLSDHGDLL SEEELDE 277

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 581:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

15 FPESHSSSSS SDRRSPWSDS WSALLVLVAS SSSSELASQA VWKSCMSSRK RWETSAGVLF 60  
PSCWEMMLKV CGCAPCSWHM VRITRSASLV HRTTFSPVEL TLLLLAHTVA SAAFCCSPS120  
GPLACVPLSL AKPPLGALGE VSEVSIPDGD SWTGHVLSLV FTLALLEGSH LS 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 582:

20 (A) LÄNGE: 549 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

35 EFPPGLTEPT AVRALARARR TRAGSASDPE RSPGAMALSE LALVRWLQES RRSRKLILFI 60  
VFLALLLDNM LLTVVVPIIP SYLYSIKHEK NATEIQTARP VHTASISDSF QSIFSYYDNS120  
TMVTGNATRD LTLHQTATQH MVTNASAVPS DCPSEDKDLL NENVQVGLLF ASKATVQLIT180  
NPFIGLLTNR IGYPIPIFAG FCIMFVSTIM FAFSSSYAFL LIARSLQGIG SSCSSVAGMG240  
40 MLASVYTDDE ERGNVMGIAL GGLAMGVLVG PPFGSVLYEF VGKTAPFLVL AALVLLDGAI300  
QLFVLQPSRV QPESQKGTPL TTLLKDPYIL IAAGSISFAN MGIAMLEPAL PIWMMETMCS360  
RKWQLGVAFL PASISYLGIT NIFGILAHKM GRWLCALLGM IIVGVLSILCI PFPKNIYGLI420  
APNFGVGFAN GMVDSSMMPI MGYLVDLRHV SVYGSVYAIA DVAFCMGYAI GPSAGGAIK480  
AIGFPWMTI IGIIDILFAP LCFFLRSPA KEEKMAILMD HNCPIKTKMY TQNNIQSYPI540  
45 GEDEESED 549

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 583:

50 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

YLLSHWNQYF WDTCTQNGEV ALCSSGNDNC WSQHFMYSIS KHLWTHSSE LSWFCKWNG 60  
GFVNDAYHGL PRRPAARVRL WECVRHCGCG ILYGVCYRSF CWWCYCKGNW ISMAHDNYWD120  
N 121

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 584:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

DGGSVHWPGR LDFCSILLML NAVQITWDDG DHDSEQHVVQ QQRQEHDEQD ELPRAAALLQ 60  
PADQRQLAQG HGSGAPLGVA CAACPGPPCP RQRPHRSGLR QSGREF 106

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 585:

(A) LÄNGE: 409 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 585:

KSRLSVTLMP VQLSEHPewn ESMHSLRISV GGLPVLASMT KAADPRFRPR WKVILTFVVG 60  
 AAILWLLCSH RPAPGRPPTH NAHNWRLGQA PANWYNDTYP LSPQRTYPAG IRYRIAVIAD120  
 LDTEPTAQDE NTWRSDLKKG YLTLSDSGDK VAVEWDKDHG VLESHLAEKG RGMELSDLIV180  
 FNGKLYSVDD RTGVVYQIEG SKAVPWVILS DGDGTVEKGF KAEWLAVKDE RLYVGGGLGKE240  
 5 WTTTGDVVN ENPEWVKVVG YKGSVDHENW VSYNALRAA AGIQPPANLI HESACWSDTL300  
 QRWFFLPRRA SQERYSEKDD ERKGANLLS ASPDFGDIIV SHVGAVVPTH GFSSFKFIPN360  
 TDDQIIVALK SEEDSGRVAS YIMAFDLDGR FLLPETKIGS VKYEGIEFI 409

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 586:

- 10 (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 586:

KLSPDGLAQC FRFELNELDA FVFHASDLGL RQQEAPVQRE GHDVGGDSAA VLLGFEGHND 60  
 LVVGVGDELE GREAVSGDHR PDVAHSDVAE VRGGAQQQVG ALALVVLLAV ALLAGAARQE120  
 EPALQRVTPA GRMLDEVSWR LDAGSSPQGV VVGHPVLVH AALVAHHLHP LRVLVHHITR180  
 30 SGRPLLAQAA HVQTLVLHCQ PFGLEAFLHG AVAVGQNHG HGFAAFDLVD DPRPVIHGVE240  
 FPIENNQVG 249

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 587:

- 35 (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 587:

50 LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60  
 EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPHNSYL TPTPTLTPTP PRDRQGCHGG PEGAGSGCPC120  
 AGPSQTSPL KLKHSCEEGS EEGPLSHGCL FPPLCHR 157

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 588:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

NTMAVAAVKW VMSKRTILKH LFPVQNGALY CVCHKSTYSP LPDDYNCNVE LALTS DGRTI 60  
VCYHPSVDIP YEHTKPIPRP DPVHNNEETH DQVLKTRLEE KVEHLEEGPM IEQLSKMFFT120  
TKHRWYPHGR YHRCRKNLNP, PKDR 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 589:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60  
RSFLKVFNEFF FQSGFQHLIM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120  
YVAIIVIW 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 590:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 590:

10 KLVCLADSK SSFSSEHLFS YHLISILKHH GCSCSKMGDV KENYLETFIS SPKWSFILCL60  
S 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 591:

15 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

30 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60  
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120  
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRP G TMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 592:

35

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 593:

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

20 TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60  
RDLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 594:

- 25 (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

40 TPALRRARSLR DRCARAPCPH GGQRRRRRL NAEGAEGARG GGSSYSEMAE TVADTRRLIT 60  
KPQNLNDAYG PPSNFLEIDV SNPQTVGVGR GRFTTYEIRV KTNLPIFKLK ESTVRRRYSD120  
FEWLRSEIER ESKVVVPLP GKAFRLQFLL EEMMEYLM TI LLRKENKGWS SL 172

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 595:

- 45 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

10 SAAGCQPRSP PFRCCRRR GLPPPPRSA AAAGAAARRG DTGLARSGRE ENEHVERAFT 60  
PHAKLLPAPL KLPPSPGK RLTSWNATPG SREARPLGR GTADWGVRRS GVMGLGVANR120  
FRPDYSA 127

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 596:

- 15 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## 25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

FTSQPFKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60  
VIQVLR LGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPALLPAVGT RGSRAAVAKR120  
TST 123

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 597:

- 40 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 597:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAQSEQKGQ IIKDIDSGSP 60  
AEEAGLKNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVDKETDN MYRLAHFSPF120



LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCRLAKGEN GYGFHLNAIR180  
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIEV NGVNVLDPEY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240  
KKAYDYFOAK KPIVPSLAD AS 262

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 598:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 598:

KGWRSDFTVG GRQRDGOHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60  
25 RGSRS 65

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 599:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 599:

AEDTIQKRNS QFETVTPPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRRL TERSNHQGHR FWKSSRGGWL60  
45 EEQ 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 600:

- (A) LÄNGE: 336 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 600:

15 KLNFTMRCC HICKLPGRVM GIRVLRSLV VILVLLLVAG ALTALLPSVK EDKMLMLRRE 60  
IKSQGKSTMD SFTLIMQTYN RTDLLLKLN HYQAVPNLHK VIVVWNNIGE KAPDELWNSL120  
GPHPIPVIFK QQTANRMRNR LQVFPELETN AVLMVDDDTL ISTPDLVFAF SVWQQFPDQI180  
VGFVPRKHVS TSSGIYSYGS FEMQAPGSGN GDQYSMVLIG ASFFNSKYLE LFQRQPAAVH240  
ALIDDTQNC DDIAMNFIAK HIGKTSQIFV KPVNMDNLEK ETNSGYSGMW HRAEHALQRS300  
YCINKLVNIY DSMPLRYSNI MISQFGFPYA NYKRKI 336

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 601:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 601:

HALKILQHYD FPDWFSICQL QKKNIKVKQT KTNLKTAWHL SSFSLCICFL SNIMNFIYSR 60  
SLYNRKSAV LLGYKIHITF ESQEVGLIQL GLLMKSFHGP I 101

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 602:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 602:

5 FKSFNKRSVL LYVCIMRVKE SMVDLPWDFI SLRNMSILSS LTLGSKAVKA PATSNNTMT60  
TKDNRSTRIP ITLPGSLQMW QHLIVLKFN 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 603:

- 10 (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 603:

25 IYGVSFILFN IKNIYVSVIP CQGCLLVCLR FCFIFIHVVV IFSSQFLLVS PFPGSFLLLL 60  
LSVGDDKLVS LRALHLWIFL XSLTGQAPV GSGPVLRLPR SLFHLQVCLP XPAPGLAPAA120  
ACPSEALLSP PGSHGWFPIS QLVSLNPKPL RNWGLVSGTC CYQ 163

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 604:

- 30 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 604:

PLSFLMYKTL LSGLEFEHLW XFIYFAXVCG QSNIFPKYIL PRKXKKQIRX FDXKXNRPXK 60  
GAXTWSRAWX RGKAXRGQVC CGQICAYFIT GVKXKQXSID VXRIYTVXRN XRXFXKKNRN120  
50 TXWXXFYHXX YTFSLWXNXL TKLXFKIKLM 150

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 605:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 605:

LDFKXQFCES IXPQAKCVXX MIKXXPXXIP VFLKXVPXIS XHCIYPXDIN XTLESFYSSN 60  
KVGTDLSTTN LPSXCLASXP CSAPGXXPLX XPVXFVKXP NLLAFSW 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 606:

20

(A) LÄNGE: 203 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 606:

GPSALVHSVR PDLCSNPLSC GSLACMAYTG ELGLWAVQTQ GSHFAFPLLS PFSILALRQN 60  
FSQRRTLCCP RSAVILPFLP SFHPSSAQMK SSRNSSFLPJ WDSETGNLQG GVFPSPFLFL120  
STPRGTAAV PTSGTELHTI VGKLQGPLLL VLAHLCYWS FWQKRKMIEP RVAPECSSLT180  
40 VEGPKLVFRA HPRREVIRCH AFC 203

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 607:

45 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 607:

EVROKEWCLL WSFPFPGAGL CAKLGPHIW STILLVGARPE HLTQPVHTAP RVPPLSQAGP 60  
TAPGSADKGM ACPLRCQNSI QKAPPQVDVV PGAGEESGTT TLAVNLSNRG LGFLVAASCP120  
GLEVHRSGV PLGTKDMPHW GCNGEKSGKL GAQL 154

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 608:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 608:

CGVLSLRWVQ QPWFLWGLRI RIVGREKLLL EDFLSQSPRE VERRNFCWTS SGQRKDG MKV 60  
EKAELQLSGD NKEFFSGKSF VLEQGWKMG TKEKQSVTLG FGQPRGPAPQ YKPYRPGTHR120  
RVD 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 609:

35

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 609:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE60  
ESFRLHKYV LCTCPMLGNN KIIVIDKT 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 610:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 610:

SCFHKLSTQE PDGKKKNKYA DNYRKINPNL VKLVKACTFQ RFIRTGLNRE FLLNKMALTL60  
VPRNWN PQRS YTG DNSALIL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 611:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 611:

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLWLFLQ60  
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 612:

(A) LÄNGE: 395 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 612:

APMRPERPRP RGSAPGPMET PPWDPARNDS LPPTLTPAVP PYVKLGTLTVV YTVFYALLFV 60  
FIYVQLWLVL RYRHKRLSYQ SVFLFLCLFW ASLRTVLFSF YFKDFVAANS LSPFVFWLLY120  
CFPVCLQFFT LTLNLYFTQ VIFKAKSKYS PELLKYRLPL YLASLFISLV FLLVNLTCAV180  
10 LVKTGNWERK VIVSVRVAIN DTLFVLCASV LSICLYKISK MSLANIYLES KGSSVCQVTA240  
IGVTVILLYT SRACYNLFIL SFSQNKSVHS FDYDWINVSD QADLKNQLGD AGYVLFQVVL300  
FVWELLPTTL VVYFFRVNRP TKDLTNPGMV PSHGFSPRSY FFDNPRRYDS DDDLAWNIA360  
QGLQGGFAPD YYDWGQQTNS FLAQAGTLQR LNFGS 395

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 613:

(A) LÄNGE: 213 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 613:

ARCAETPAGA AAVSPDEAR ASPAARQRPR PDGDPVAVGPS PQRLAAAHAD PGRAPLREAW 60  
PHRRHLRVLR AALRVHLRAA LAGAALPPQA AQLPERLPLS LPLLGLPADR PLLLLQRLR120  
35 GGQFAQPLRL LAALLPCVP AVFHPhADEL VLHAGDFQSQ VKIFSRTIQI PVAPLPGLPL180  
HQPCFPVGEF NLCCAGKDGK LGEEGYRLCA SGH 213

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 614:

40 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 614:

LG FENHLREV QVHQREGEKL QAHREAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPQGGPEEA 60  
EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE AKLHVGGHGR GQRGRQRVVA120  
GWVPRRGLHR AGGAAARPGT LGPHRGSRPP PPRGSPRIA P 161

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 615:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 615:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQSKTKF 60  
YCLQFNSIIA IMCSGKHIPV LLDRVSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 616:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 616:

VTCLSLYVET NFTMITDLN ISSLNFHTIL KCLLENLHLF VPRCSSSIKP WAYFSVLLRP60  
NEVGRGGQFC INIRYFVIHS PNLKLY 86

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 617:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 617:

RMLIQNCPPR PTKFGLRRTL KYAHGFIDEE HLGTKRCKFS SRHFKIVWKF KLEMLHRSVI60  
MVKLYSTYKD KQVTHW 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 618:

(A) LÄNGE: 378 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 618:

SRCRFCCRLS AAFLPRAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPPI SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60  
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSLQGSPA120  
TPLSFLFFLV FLFRAGSSMT GCSTFFLDFI FFFAEDLGSS LMGMYSGAST LTGFFLLPFL180  
GLLSMDLEGL EWPGRASPSW WIFFFFFTFP LCSLGLFRLP FLXPRLPVPH PSSPLXQVSP240  
TSLASLASQN QGSWTEKAXG VLGPFFFPSC XFLSFLPTLV SSSPCLXVLG RFSPQRHGTW300  
LEVTSXFFFS PLRNSKWPNT CFLRLGDFSV RLAGSVVSGS TCSSQRVLT FFFFFFFFTR360  
GISGACPWAT LLXGCSS 378

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 619:

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 619:

5 GTGSLGXRNG XRKSPREHNG KVKKKKKIHQ EGDALPGHSG PSRSMESSPR KGSKKKPVKV 60  
EAEYIPISD DPKSSAKKKM KSKKKVEQPV IEEPALKRKT RKRRKESGVA GDPWREETDT120  
DLEVVLEKKG NMDEAHIDQV RRKALQEEID RESGKTEASE TRKWTGTQFG QWDTAGFENE180  
10 DQKLKFLRLM GGFKNLSPSF SRPASTIARP NMALGKKAAD SLQONLQRDY DRAMSLEVQP240  
GSRLAVFSTA PNKIFYIDRN ASKSVKLED 269

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 620:

15 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 620:

30 VRVCFLPPRV SCYPTLFPLL PRLPFQSWLL DDWLLYLLFG LHLFLCGGLR VITYGDVFRS 60  
LNFDWLLFTS FPRAALHGPG GLGVAWEGIS LLVDFFLLH LPIVFSGALP XSVSXPKAAC120  
SSSFFPTXAS VPNIPLPGL TEPRLDREG XWGPXPFFS FLXFFELLAN SGFLTLTXG180  
XGEVFTPEAW DMARGDFLXF LFPTEELQVA KHLLEAG 218

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 621:

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 621:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPSSLR RAFRRRELPF 60  
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQNNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHTWSV KLDEHIIPLG180  
SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLDL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240  
GSGKVCLVYK SGKPAIAEDT EIWFLDRALY WHFLTDTFTA YYRLILITHLG LPQWQYAFTS300  
YGISPOAKQW FSKYKPIYTN TNLLTEETDS FVNKLDPKSV FSKSNKIVIP KKKGPVQPAG360  
5 GQKGPSPGSG PSTSSTSKSS SSGSNPTRK 389

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 622:

- 10 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 622:

25 ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60  
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRHRPRGW AAASRTWRS 109

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 623:

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 623:

45 RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVFS RCGLLQPSPG DDASSMARD RDSRAAGAGG60  
GPDPAAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 624:

- 50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 624:

15 CQTEHRWPAS MPPQLQETRM NRSIPVEVDE SEPYPSQLLK PIPEYSPEEE SEPPAPNIRN 60  
MAPNSLSAPT MLHNSSGDFS QAHSTLKLAN HQRPVSRQVT CLRTQVLEDS EDSFCRRHPG120  
LGKAFPSGCS AVSEPASESV VGALPAEHQF SFMEKRNQWL VSQLSAASPD TGHDSKSDQ180  
SLPNASADSL GGSQEMVQRP QPXQEPSRPG SANHRHGI 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 625:

20

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 625:

35 NLQITSGLYP GRSPACALKE WRTVKTVSAG DTQAWAKLSL LGALQSASLR LSLWLEPSLQ 60  
SISFHLWKNV INGWYLSFQR LLLTLAMTQT NQTKVYLMQ QTPWAVARRW CNGPSLHRNR120  
AGLDLPTIDT GYDSQPQDVL GIRQLERPLX LTSVCYPQDL PRPLRSREFP QFEPQRYPAC180  
40 AQMLPPNLSP HAPWNYHYHC PGSPDHQVXI WP 212

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 630:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 630:

5 FMINVSFFFF LAAGRGKEEE MGCDGSKAGK VSHGPQTPFP PLSLSPLPKK KKKETFIMNQ 60  
QGFSFYQREM WKELKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEFWVPF LQMDLLRRII VFHVESQVT120  
KINICIYNLY YCYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SLLRWGPWYG KTPRYNVTSP180  
QPLY 184

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 631:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 631:

30 GPWLTFFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKE TFIMNQOGFS PYQREMWKEL KKPPFVFNST 60  
LPIFYATQTL SFWVPFLQMD LLRRIIVFHV FSPQVTKINI CIYNLYCYI FVDNTFRWCW120  
VIYYNLNLGI SFGLPQSC 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 632:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 632:

50 WVKGKRGKGPW SSNPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60  
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 633:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 633:

RNHAKIQLPM QAPQSLILSS QFCCQATVW RLVGCCPCCN EWEEVDGMV ETFTSSSPAT 60  
GIPPRPVLCC GGRFKSKLL FEVGFAVWFK XHDAIAXERP SKDSGLPGLE N 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 634:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 634:

LRRNCPVQRP TFPFAPHLFR TPLHTLQPPK VPGSGFLHPA AATNANSLNS TFSVLPQRFP60  
QFQQRHAVYN SFSFPGQAAR YPWMAFPXQ 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 635:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 635:

FIQFSRPGSP LSLDGLSXAI ASCXLNHTAN PTSNSNFLDL NLPPQHNTGL GGIPVAGEEE60  
VKVSTMPPLST SSHSLQQGQQ PTLHTTVA 89

10

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend
- 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1 - 126 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 20 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 30 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 35 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 45



8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 10 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 20 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 25 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 30 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.
- 35 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 40 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 45 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635 als Arzneimittel in der Genterapie zur Behandlung des Endometriumtumor.
- 5 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.
- 10 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528 und Seq. ID Nos. Seq. 561-575, 577-625, 630-635.
- 15 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 20 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 und Seq. ID No 531-552, 554, 555.
- 30 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 35, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

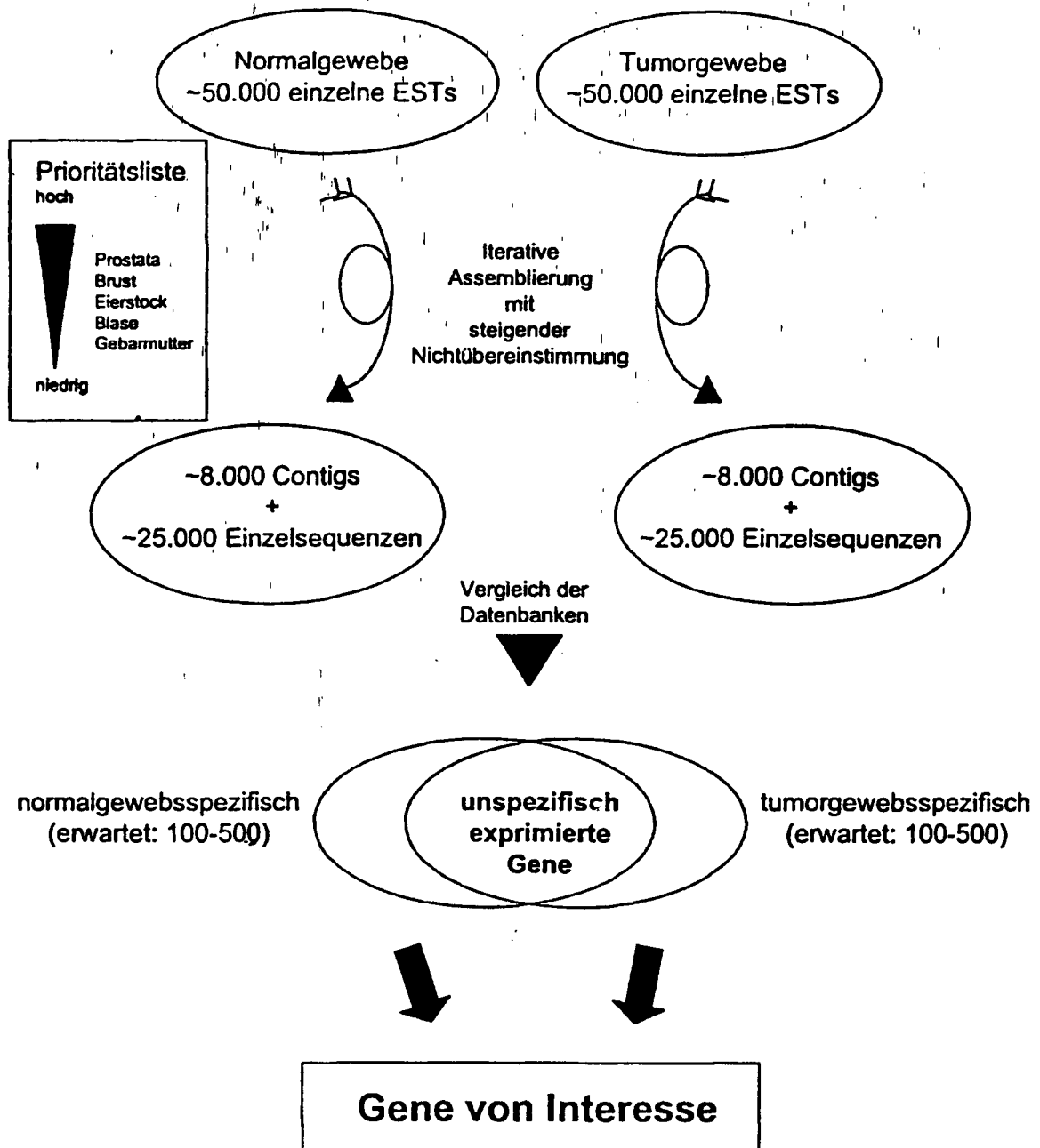


Fig. 1

2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

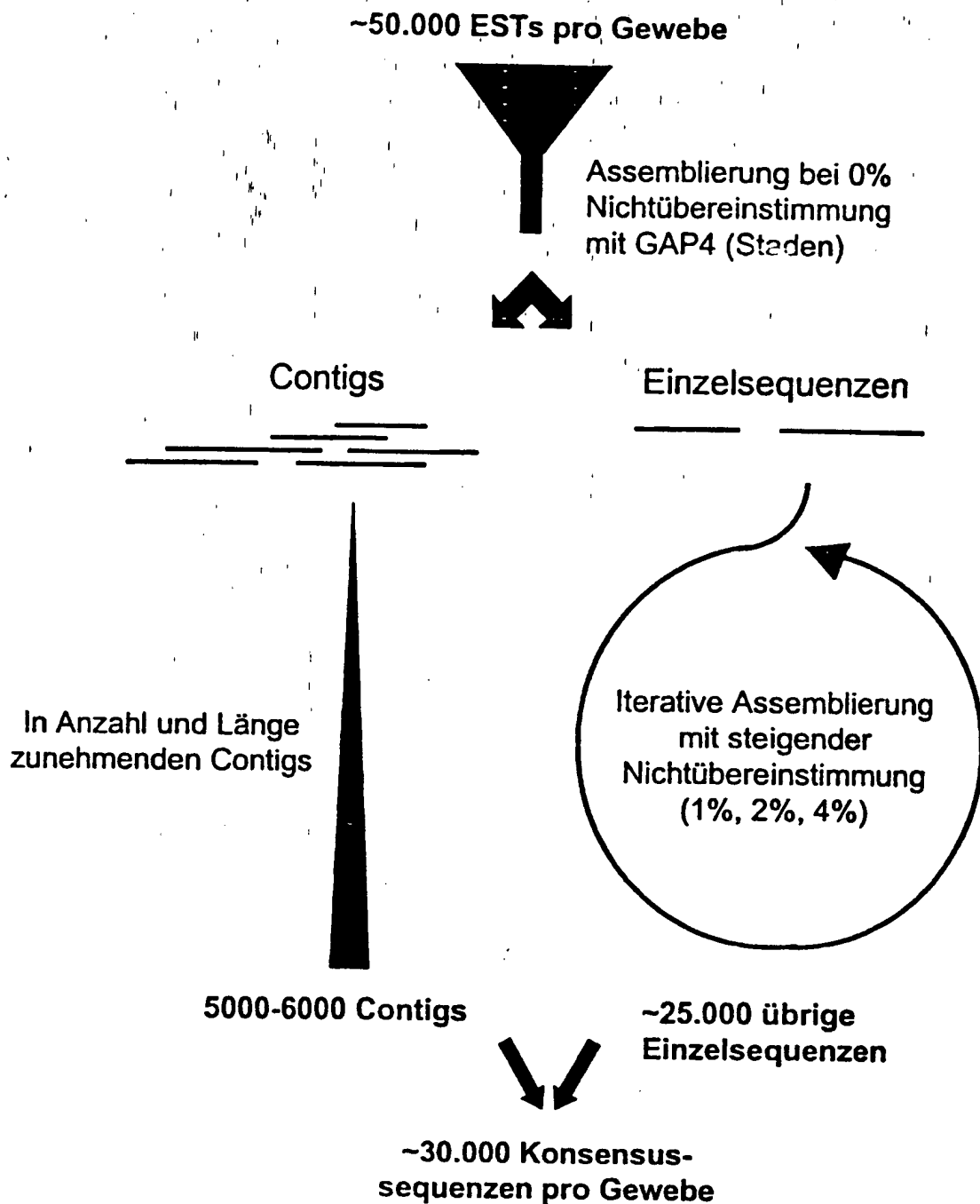


Fig. 2a

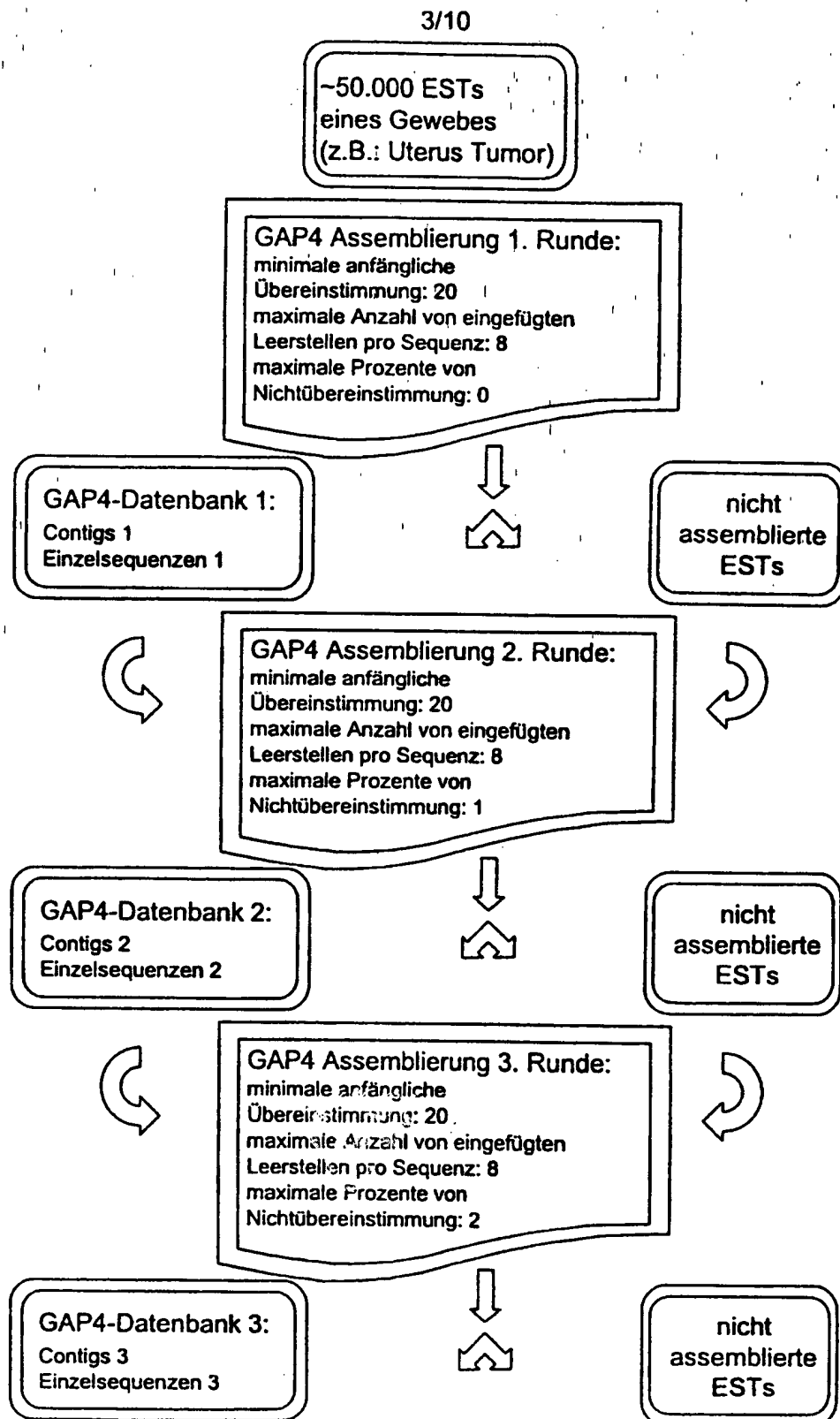


Fig. 2b1

4/10

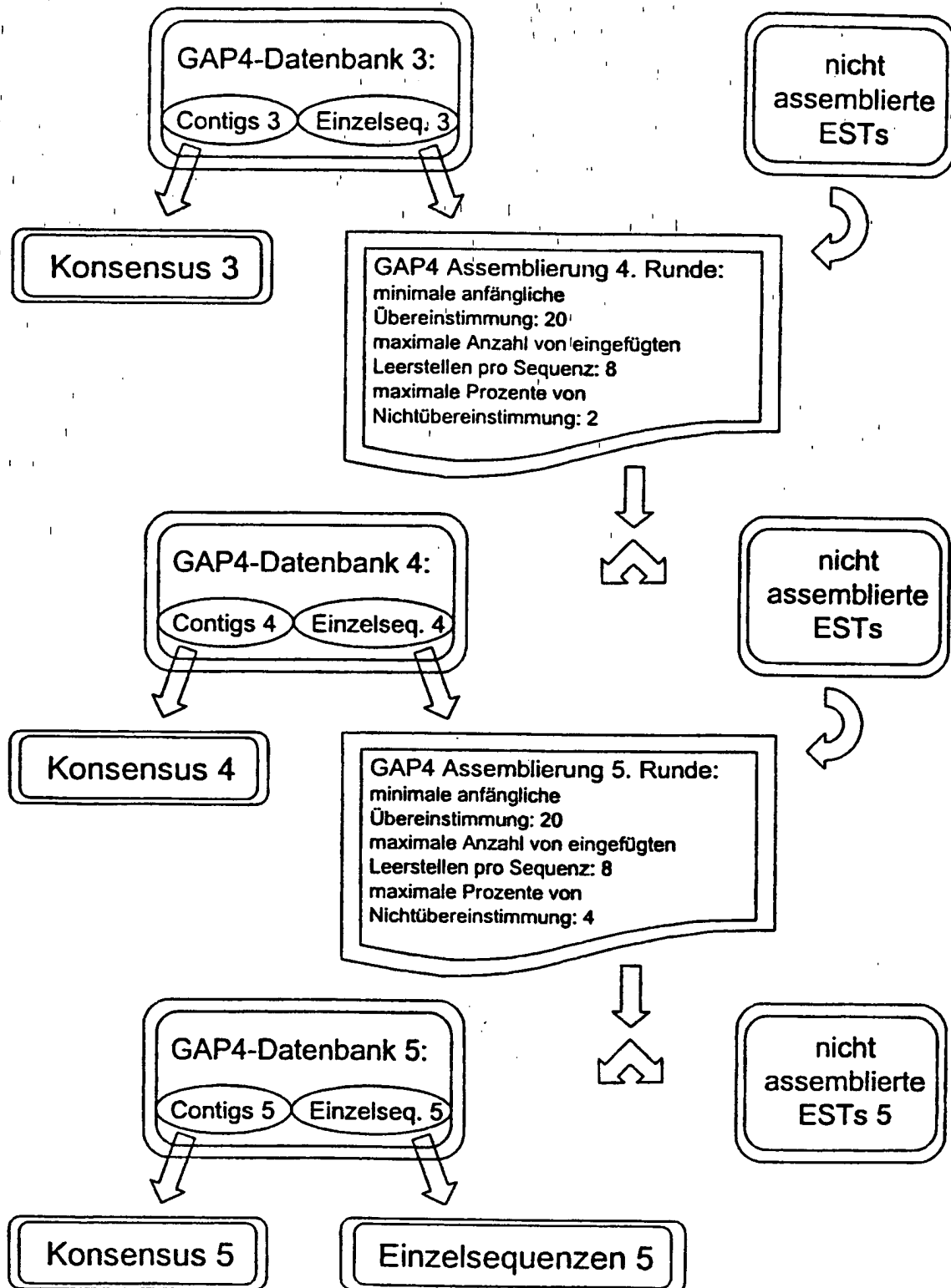


Fig. 2b2

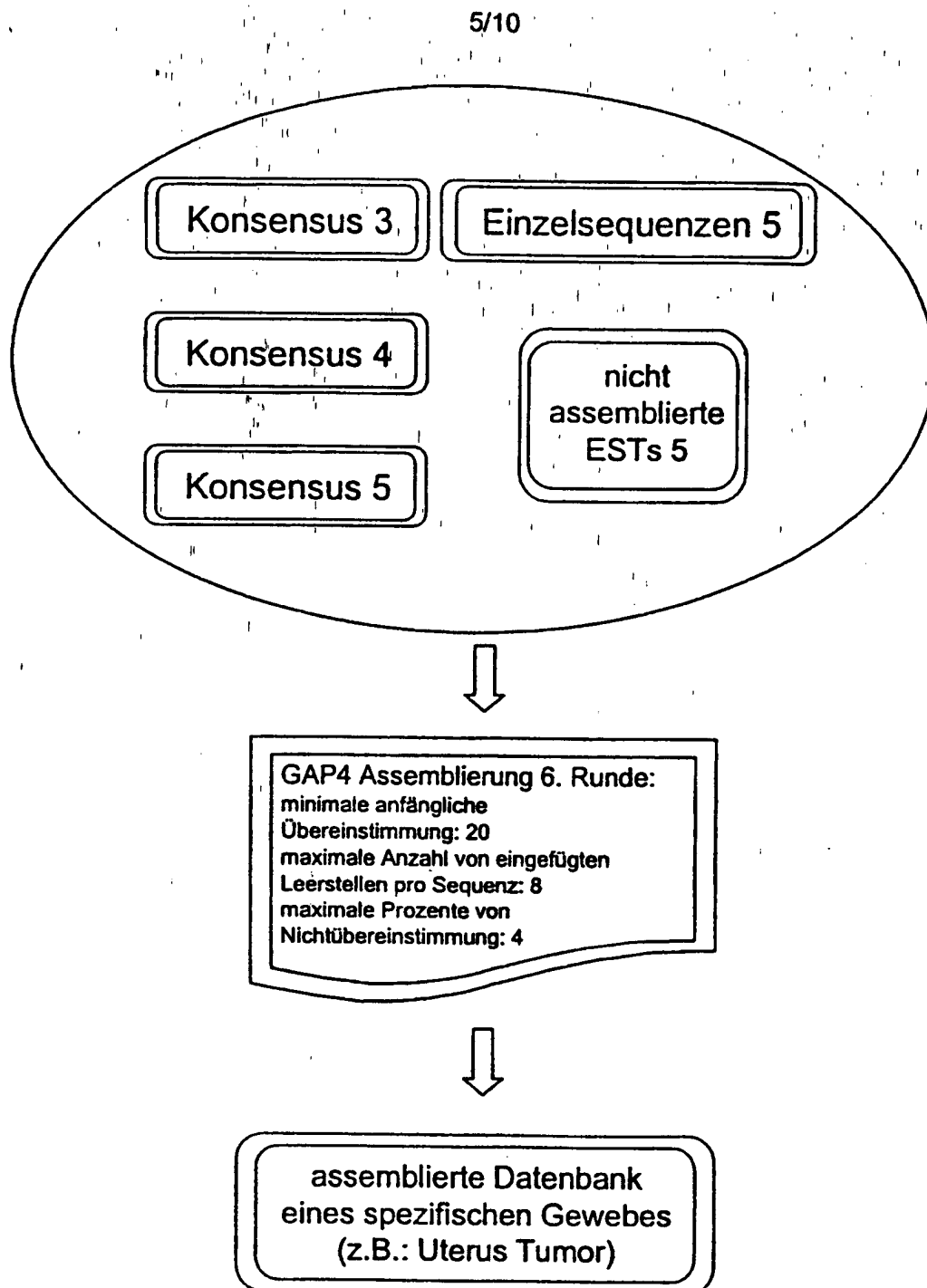


Fig. 2b3



6/10

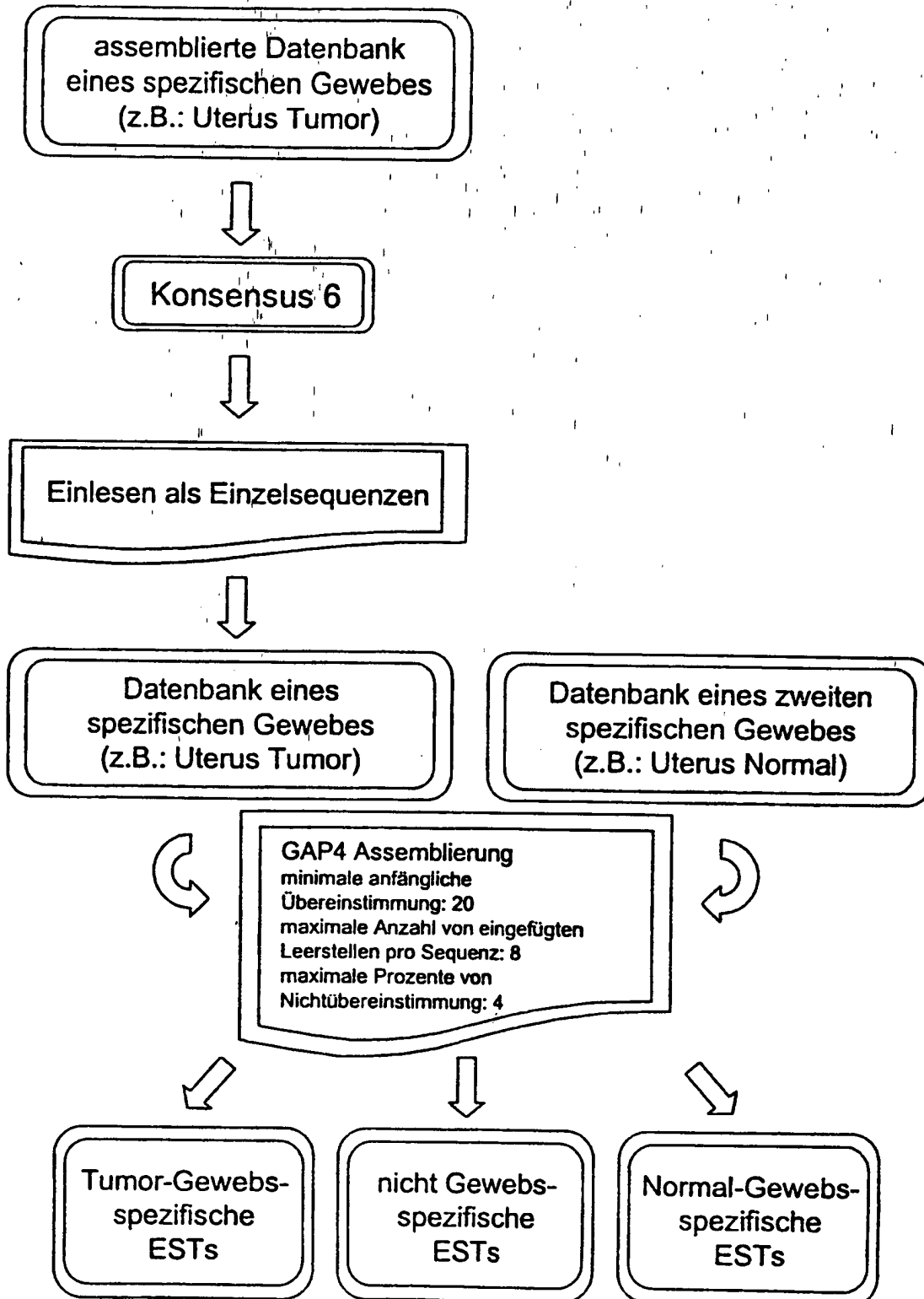


Fig. 2b4

7/10

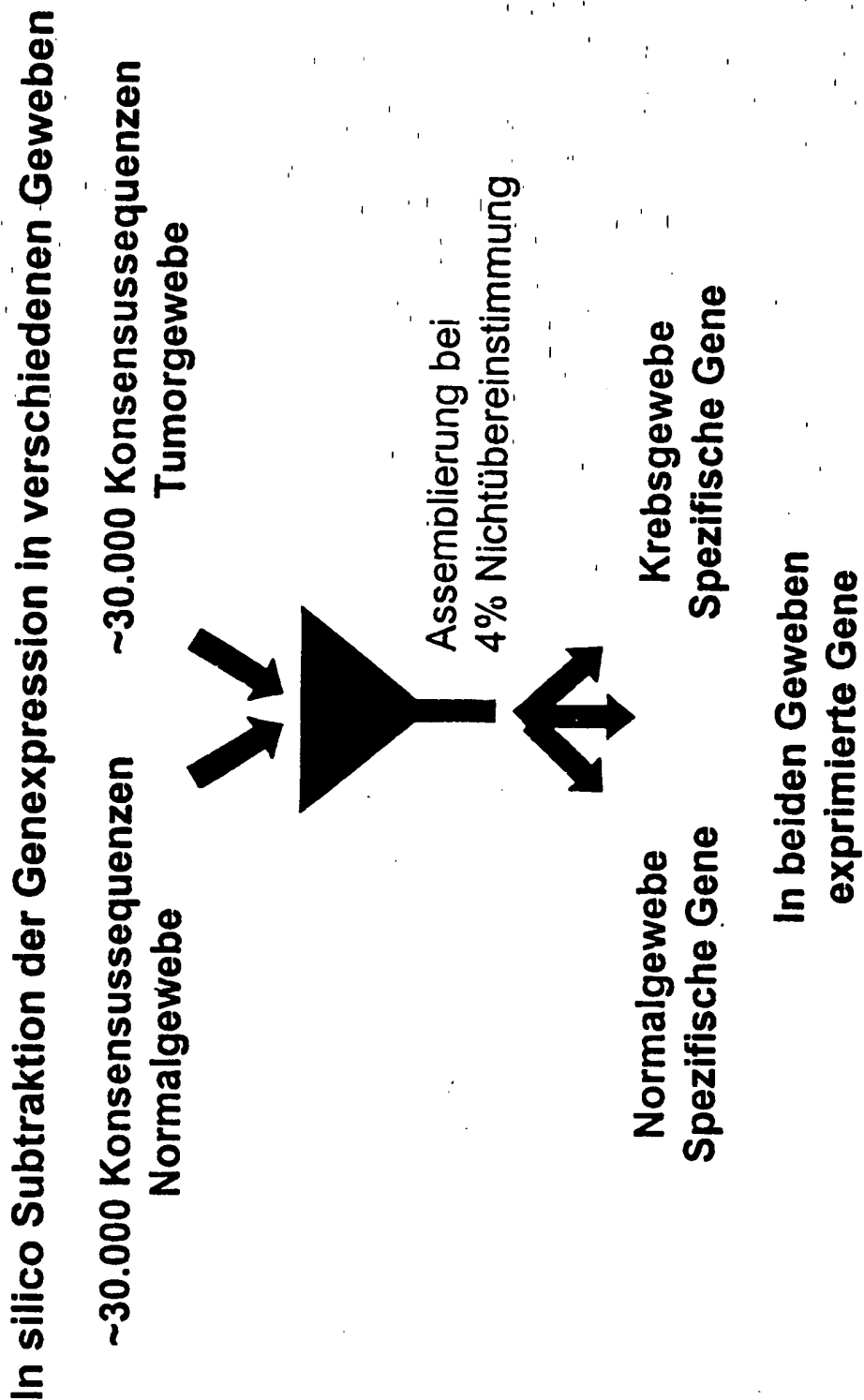


Fig. 3

8/10

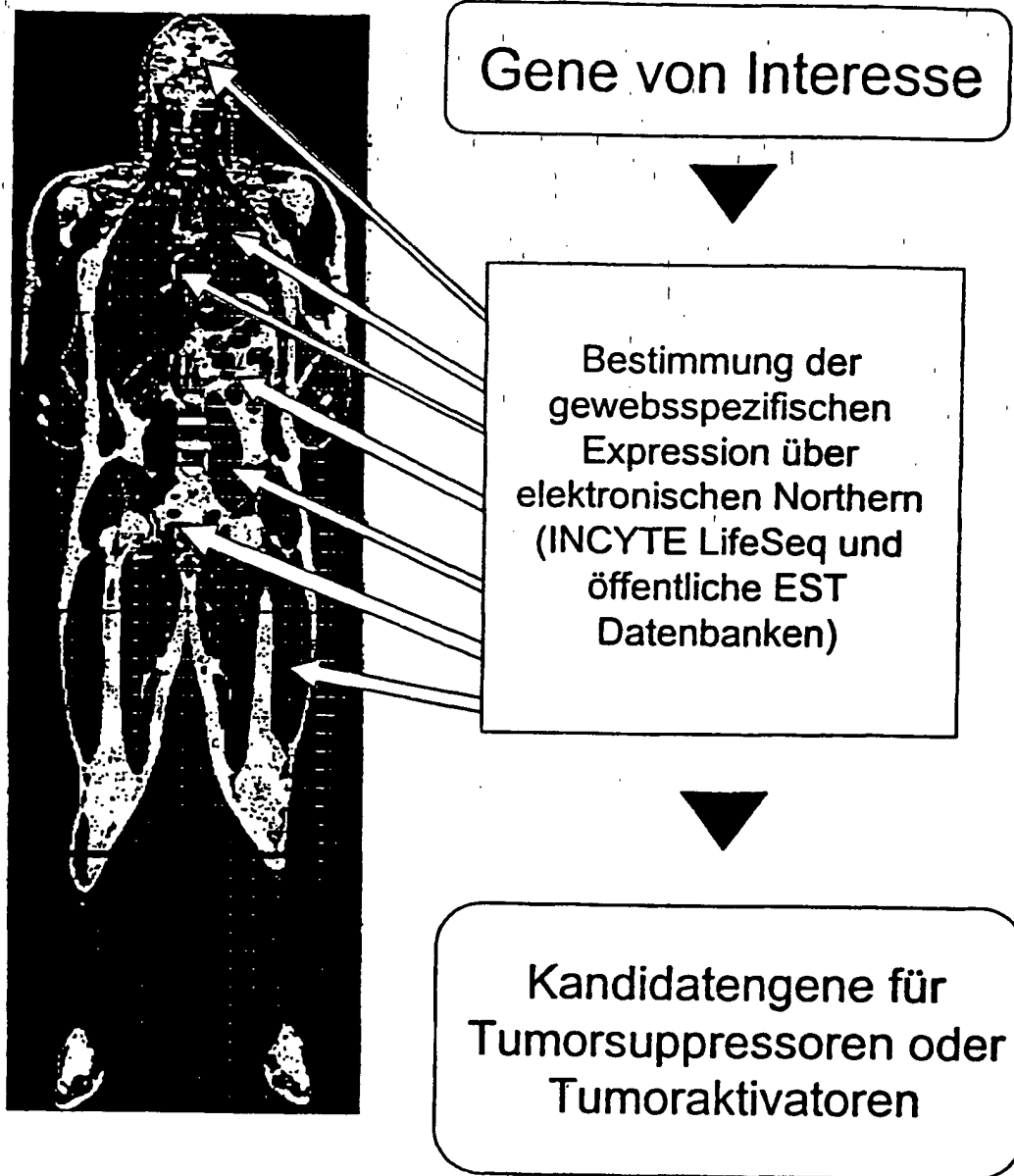


Fig. 4a

9/10

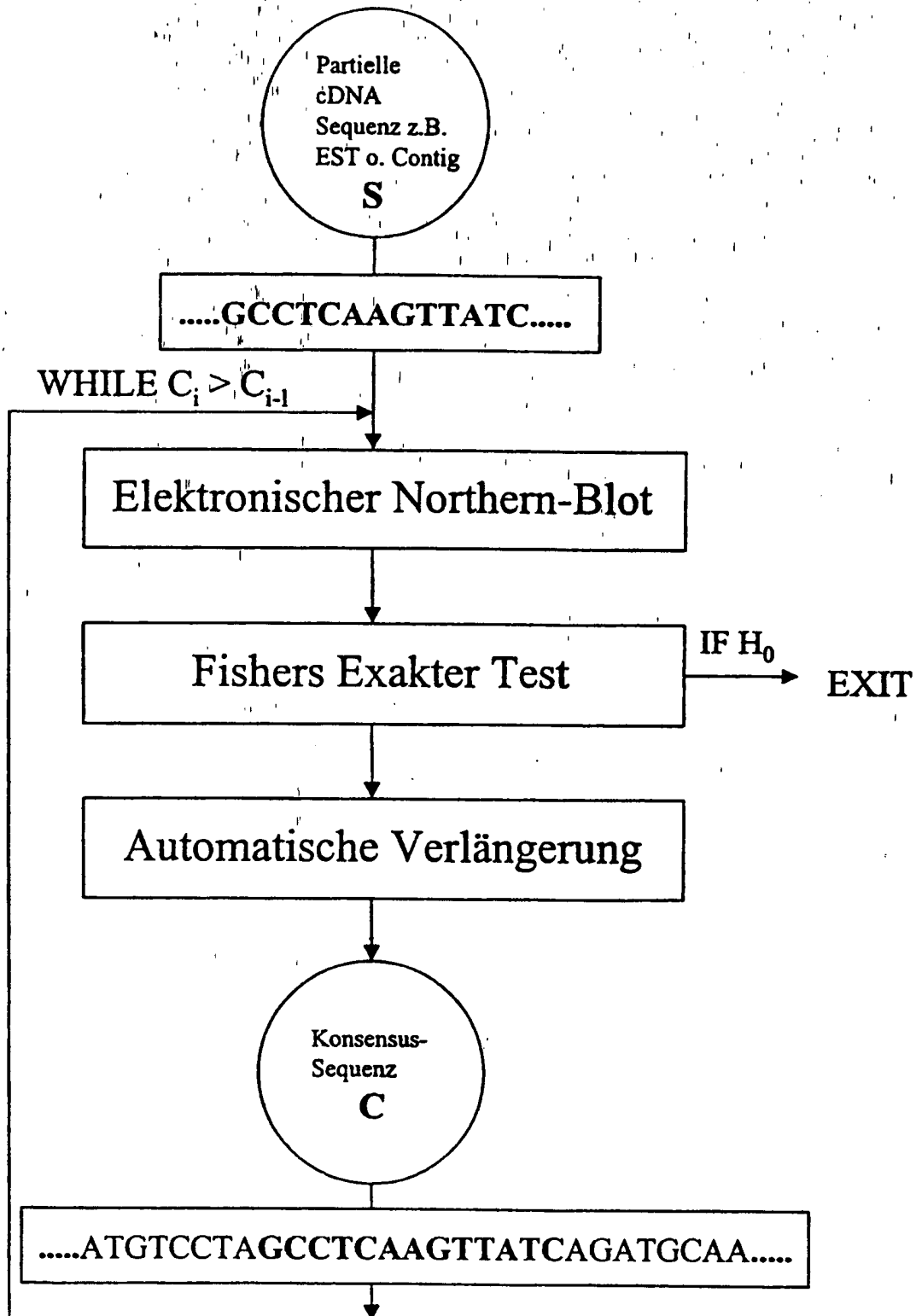


Fig. 4b

10/10

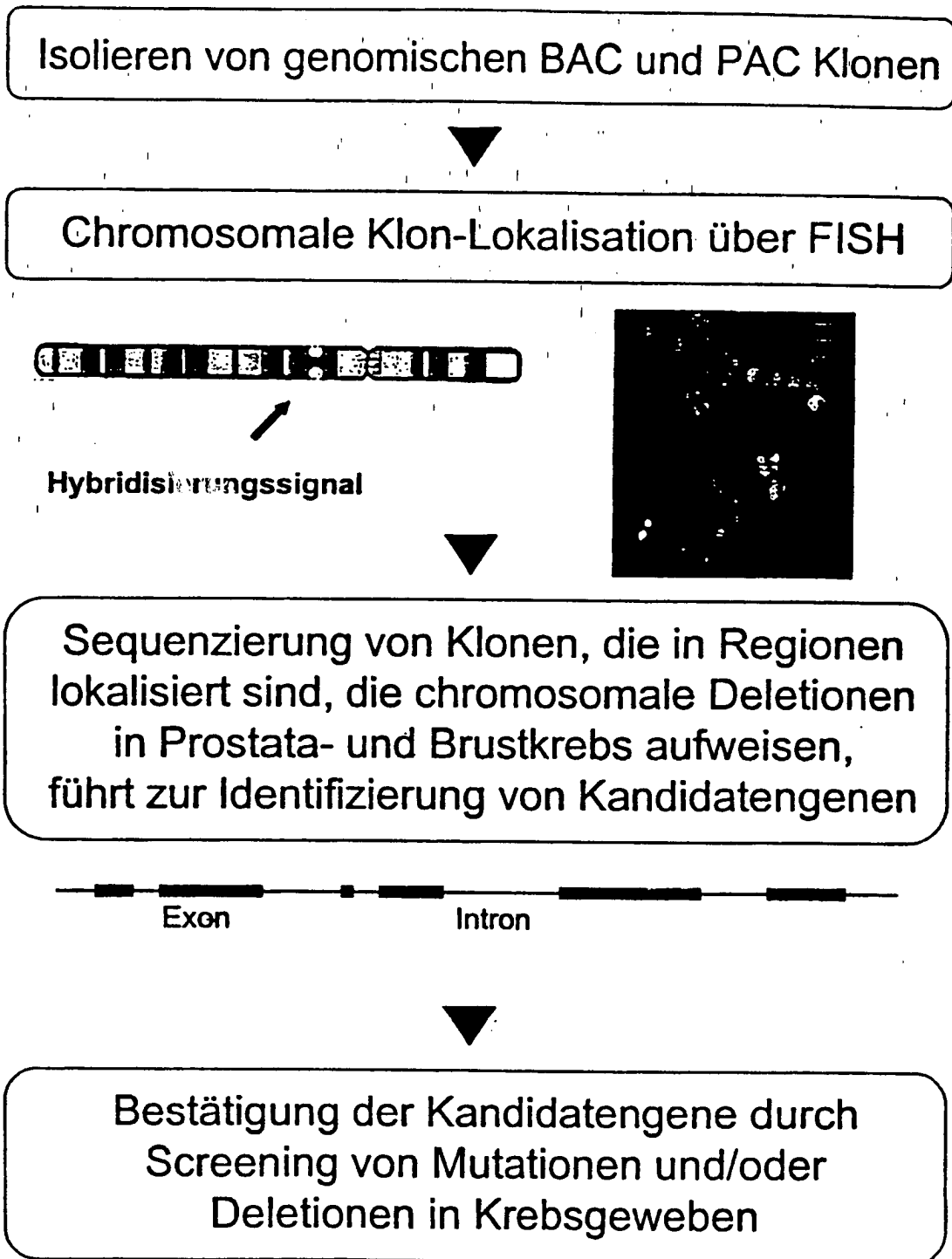


Fig. 5

**PCT**WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup>:</b> C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17, G01N 33/68, C12Q 1/68, C12N 15/62, A61K 48/00, C12N 5/10, 15/70, 15/79, 15/10	<b>A3</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:</b> WO 99/54461  <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 28. Oktober 1999 (28.10.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01174 <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 15. April 1999 (15.04.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 17 948.0 17. April 1998 (17.04.98) DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> Mit internationalem Recherchenbericht.  <b>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts:</b> 6. Juli 2000 (06.07.00)	
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF ENDOMETRIUM TUMOUR TISSUE  <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS ENDOMETRIUMTUMORGEWEBE  <b>(57) Abstract</b>  The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of endometrium tumour tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.  <b>(57) Zusammenfassung</b>  Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No <b>PCT/DE 99/01174</b>					
<b>A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER</b> IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17 G01N33/68 C12Q1/68 C12N15/62 A61K48/00 C12N5/10 C12N15/70 C12N15/79 C12N15/10					
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC					
<b>B. FIELDS SEARCHED</b> Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) IPC 6 C12N C07K A61K G01N C12Q					
Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched					
Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)					
<b>C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT</b>					
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages				Relevant to claim No.
X	ADAMS M.D. ET AL.: "EST41316 Endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end." EMBL ACCESSION NO. AA336687, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127129 the whole document				1,5-10, 15,38
X	ADAMS M.D. ET AL.: "EST41427 Endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end." EMBL ACCESSION NO. AA336787, 18 April 1997 (1997-04-18), XP002127130 the whole document <div style="text-align: center;">--- -/--</div>				1,5-10, 15,38
<div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <span><input checked="" type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of box C.</span> <span><input type="checkbox"/> Patent family members are listed in annex.</span> </div>					
* Special categories of cited documents :					
<div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div style="width: 45%;"> <p>"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance</p> <p>"E" earlier document but published on or after the international filing date</p> <p>"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)</p> <p>"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means</p> <p>"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed</p> </div> <div style="width: 45%;"> <p>"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention</p> <p>"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone</p> <p>"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.</p> <p>"Z" document member of the same patent family</p> </div> </div>					
Date of the actual completion of the international search  <div style="text-align: center;">11 January 2000</div>			Date of mailing of the international search report  <div style="text-align: center;">12.04.00</div>		
Name and mailing address of the ISA European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016			Authorized officer  <div style="text-align: center;">Hix, R</div>		



# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/DE 99/01174

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	E. STRUNCK ET AL.: "Basement membrane regulates gene expression in HEC1B(L) Endometrial adenocarcinoma cells." BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS., vol. 221, nb. 2, 1996, pages 346-350, XP002127131 the whole document	1-24, 26-34, 36-38
Y	TO HOA THAI ET AL.: "Mutations in the BRCA1-associated RING domain (BARD1) gene in primary breast, ovarian and uterine cancers." HUMAN MOLECULAR GENETICS, vol. 7, no. 2, 1998, pages 195-202, XP002127132 the whole document	1-24, 26-34, 36-38
Y	M.F. ARLT ET AL.: "Frequent deletion of chromosome 1p sequences in an aggressive histologic subtype of endometrial cancer." HUMAN MOLECULAR GENETICS, vol. 5, no. 7, 1996, pages 1017-1021, XP002127133 the whole document	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	MAHMOOD MANAVI, M.D. ET AL.: "Amplification and expression of the c-erbB-2 oncogene in Müllerian-derived Genital-tract tumors." GYNECOLOGIC ONCOLOGY, vol. 71, no. 2, November 1998 (1998-11), pages 165-171, XP002127134 the whole document	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	A. KOUL ET AL.: "A somatic BRCA2 mutation in RER+ endometrial carcinomas that specifically deletes the amino-terminal transactivation domain" GENES, CHROMOSOMES & CANCER, vol. 24, no. 3, March 1999 (1999-03), pages 207-212, XP002127135 the whole document	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	M. SAKATA ET AL.: "Messenger RNA differential display reverse-transcriptase-polymerase-chain-reaction analysis of a progesterone-suppressive gene in a human endometrial-cancer cell line." INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, vol. 78, no. 1, 25 September 1998 (1998-09-25), pages 125-129, XP002127136 the whole document	1-24, 26-34, 36-38

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01174

## Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☒ Claims Nos.: 25, 35  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:  
See supplementary sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

## Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

IN PART : 1-24, 26-34, 36-38

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.  
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

## ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

## 1. Claims : in part : Nos. 1-24, 26-34, 36-38

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID No 1, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, in addition to a host cell containing this sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide, antibodies directed against a polypeptide or fragment that is coded by SEQ ID No. 1. Polypeptide partial sequences relating to SEQ ID No 142, 143, 144 (table II) and the uses thereof. Medicament containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID No. 142, 143, 144.

## Inventions 2-150 : Claims : in part : Nos. 1-24, 26-34, 36-38

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID No 2-126, 531-555, an allelic or complementary variant thereof. BAC, PAC and cosmid clones, expression cassette, in addition to a host cell containing this sequence. Uses of said nucleic acid sequence and method for the production of a polypeptide. Antibodies directed against a polypeptide or fragment that is coded by SEQ ID No. 2-126, 531-555. Polypeptide partial sequences relating to SEQ ID No 145-528, 561-635 (table II) and the uses thereof. Medicament containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID No. 145-528, 561-635.

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01174

## ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

Continuation of Box I.2.

Claims Nos. 25,35

Claim No. 25 relates to a polypeptide characterized by a desirable quality of property, i.e. the ability to bond to a polypeptide partial sequence according to Claim No. 23. The claims therefore include all polypeptides that exhibit this quality or property, while the patent application is not provided with appropriate support from the description as indicated in Article 5 PCT. The patent application lacks the required disclosure to such an extent that a meaningful search encompassing the entire scope of protection sought seems impossible. For this reason, the polypeptides to which claim is laid in Claim No. 25 were not searched.

Claim No. 35 relates to a disproportionately large number of possible products that are neither supported by the description according to the terms of PCT Article 6 nor able to be considered disclosed under the terms of PCT Article 5. In the present case, the patent claims lack the appropriate support and the patent application lacks the required disclosure to such an extent that a meaningful search encompassing the entire scope of protection sought seems impossible. No search was therefore carried out for said products.

The applicant is reminded that claims or parts of claims relating to inventions in respect of which no search report has been established need not be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). The EPO, in its capacity as the authority entrusted with the internal preliminary examination, does not as a general rule conduct a preliminary examination of subject matter for which no search report is available. This also applies to the case where the patent claims were amended after receipt of the international search report (PCT Article 19), or to the case where the applicant provides new patent claims pursuant to the procedure mentioned in PCT Chapter II.

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01174

<b>A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES</b> IPK 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17 G01N33/68 C12Q1/68 C12N15/62 A61K48/00 C12N5/10 C12N15/70 C12N15/79 C12N15/10		
Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK		
<b>B. RECHERCHIERTE GEBIETE</b> Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationsymbole) IPK 6 C12N C07K A61K G01N C12Q		
Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen		
Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)		
<b>C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN</b>		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	ADAMS M.D. ET AL.: "EST41316 Endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end." EMBL ACCESSION NO. AA336687, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127129 das ganze Dokument	1,5-10, 15,38
X	ADAMS M.D. ET AL.: "EST41427 Endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end." EMBL ACCESSION NO. AA336787, 18. April 1997 (1997-04-18), XP002127130 das ganze Dokument  -/-	1,5-10, 15,38
<input checked="" type="checkbox"/> Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen <input type="checkbox"/> Siehe Anhang Patentfamilie		
* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen : *A* Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist *E* älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist *L* Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt) *O* Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht *P* Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist *T* Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist *X* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden *Y* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist *Z* Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist		
Datum des Abschlusses der internationalen Recherche  11. Januar 2000		Absendedatum des internationalen Recherchenberichts  12. 04. 00
Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016		Bevollmächtigter Bediensteter  Hix, R

## INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01174

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	E. STRUNCK ET AL.: "Basement membrane regulates gene expression in HEC1B(L) Endometrial adenocarcinoma cells." BIOCHEMICAL AND BIOPHYSICAL RESEARCH COMMUNICATIONS., Bd. 221, Nr. 2, 1996, Seiten 346-350, XP002127131 das ganze Dokument	1-24, 26-34, 36-38
Y	TO HOA THAI ET AL.: "Mutations in the BRCA1-associated RING domain (BARD1) gene in primary breast, ovarian and uterine cancers." HUMAN MOLECULAR GENETICS, Bd. 7, Nr. 2, 1998, Seiten 195-202, XP002127132 das ganze Dokument	1-24, 26-34, 36-38
Y	M.F. ARLT ET AL.: "Frequent deletion of chromosome 1p sequences in an aggressive histologic subtype of endometrial cancer." HUMAN MOLECULAR GENETICS, Bd. 5, Nr. 7, 1996, Seiten 1017-1021, XP002127133 das ganze Dokument	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	MAHMOOD MANAVI, M.D. ET AL.: "Amplification and expression of the c-erbB-2 oncogene in Müllerian-derived Genital-tract tumors." GYNECOLOGIC ONCOLOGY, Bd. 71, Nr. 2, November 1998 (1998-11), Seiten 165-171, XP002127134 das ganze Dokument	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	A. KOUL ET AL.: "A somatic BRCA2 mutation in RER+ endometrial carcinomas that specifically deletes the amino-terminal transactivation domain" GENES, CHROMOSOMES & CANCER, Bd. 24, Nr. 3, März 1999 (1999-03), Seiten 207-212, XP002127135 das ganze Dokument	1-24, 26-34, 36-38
P,Y	M. SAKATA ET AL.: "Messenger RNA differential display reverse-transcriptase-polymerase-chain-reaction analysis of a progesterone-suppressive gene in a human endometrial-cancer cell line." INTERNATIONAL JOURNAL OF CANCER, Bd. 78, Nr. 1, 25. September 1998 (1998-09-25), Seiten 125-129, XP002127136 das ganze Dokument	1-24, 26-34, 36-38

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01174

## Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.   
 weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 25, 35   
 weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich   
 siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr.   
 weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

## Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

TEILWEISE : 1-24, 26-34, 36-38

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.

☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

## 1. Ansprüche: teilweise : 1-24, 26-34, 36-38

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID No. 1, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptides. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID No. 1 kodiert wird. Polypeptidteilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID No. 142, 143, 144, (Tabelle II) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID No. 142, 143, 144.

## Erfindungen 2-150: Ansprüche: teilweise : 1-24, 26-34, 36-38

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID No. 2-126, 531-555, eine allelische oder komplementäre Variante davon. BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend. Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptides. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der SEQ ID No. 2-126, 531-555, kodiert wird. Polypeptidteilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID No. 145-528, 561-635 (Tabelle II) und deren Verwendungen. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid Teilsequenz SEQ ID No. 145-528, 561-635.



WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld 1.2

Ansprüche Nr.: 25, 35

Der geltende Patentanspruch 25 bezieht sich auf ein Polypeptid, charakterisiert durch eine erstrebenswerte Eigenheit oder Eigenschaft, nämlich die Fähigkeit an eine Polypeptid-Teilsequenz gemäss Anspruch 23 zu binden. Die Patentansprüche umfassen daher alle Polypeptide, die diese Eigenheit oder Eigenschaft aufweisen, wohingegen die Patentanmeldung keine Stütze durch die Beschreibung im Sinne von Art. 5 PCT für solch eine entsprechende Stütze bzw. der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Masse, dass eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Patentansprüchen auch die in Art. 6 PCT geforderte Klarheit, nachdem in ihnen versucht wird, das Polypeptid über das jeweils erstrebte Ergebnis sinnvolle Recherche für die in Anspruch 25 beanspruchten Polypeptide ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 35 bezieht sich auf eine unverhältnismässig grosse Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und/oder noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offerbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Masse, dass eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentansprüche vorlegt.